

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19)世界知的所有権機関
国際事務局



(43)国際公開日
2004年6月10日 (10.06.2004)

PCT

(10)国際公開番号
WO 2004/048566 A1

(51)国際特許分類⁷: C12N 15/09, G06F 17/30, 17/40, 17/50

(21)国際出願番号: PCT/JP2003/014893

(22)国際出願日: 2003年11月21日 (21.11.2003)

(25)国際出願の言語: 日本語

(26)国際公開の言語: 日本語

(30)優先権データ:
特願2002-340053
2002年11月22日 (22.11.2002) JP

(71)出願人(米国を除く全ての指定国について): 名取幸和 (NATORI,Yukikazu) [JP/JP]; 〒220-0012 神奈川県横浜市西区みなとみらい4-10-1-E1706 Kanagawa (JP).

(71)出願人および

(72)発明者: 西郷薫 (SAIGO,Kaoru) [JP/JP]; 〒168-0063 東京都杉並区和泉4-3 1-7 Tokyo (JP). 程久美子 (TEI,Kumiko) [JP/JP]; 〒113-0023 東京都文京区向丘1-3-1 メゾン文京504 Tokyo (JP). 内藤雄樹 (NAITO,Yuki) [JP/JP]; 〒102-0082 東京都千代田区一番町6-4-102 Tokyo (JP).

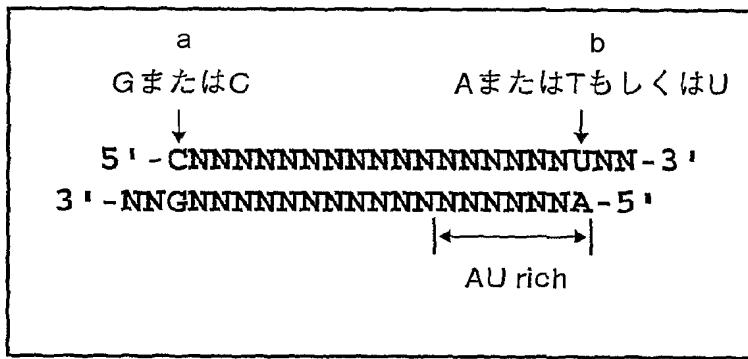
(74)代理人: 酒井宏明 (SAKAI,Hiroaki); 〒100-0013 東京都千代田区霞が関三丁目2番6号 東京俱楽部ビルディング Tokyo (JP).

(81)指定国(国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GII, GM, IIR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

[続葉有]

(54)Title: METHOD OF DETECTING TARGET BASE SEQUENCE OF RNA INTERFERENCE, METHOD OF DESIGNING POLYNUCLEOTIDE BASE SEQUENCE CAUSING RNA INTERFERENCE, METHOD OF CONSTRUCTING DOUBLE-STRANDED POLYNUCLEOTIDE, METHOD OF REGULATING GENE EXPRESSION, BASE SEQUENCE PROCESSING APPARATUS, PROGRAM FOR RUNNING BASE SEQUENCE PROCESSING METHOD ON COMP

(54)発明の名称: RNA干渉の標的塩基配列検索方法、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法、遺伝子の発現抑制方法、塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システム



a...G OR C
b...A, T OR U

(57)Abstract: From the base sequence of a target gene of RNA interference, sequence parts fulfilling the following requirements are detected. Based on the results of the detection, an siRNA causing RNAi is designed, synthesized and so on. (a) The base at the 3'-end is adenine, thymine or uracil. (b) The base at the 5'-end is guanine or cytosine. (c) The base sequence having 7 bases at the 3'-end is rich in one or more bases selected from the group consisting of adenine, thymine and uracil. (d) There are bases in such a number as causing RNA interference without showing any cytotoxicity.

WO 2004/048566 A1

(57)要約: 本発明は、RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列から、下記(a)から(d)の規則に従う配列部位を検索し、検索結果に基づきRNAiを生じさせるsiRNAの設計、合成等を行う。(a)3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。(b)5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。(c)3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。(d)塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。



(84) 指定国(広域): ARIPO 特許 (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許 (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 國際調査報告書

2 文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイドスノート」を参照。

明細書

RNA干渉の標的塩基配列検索方法、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法、遺伝子の発現抑制方法、塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システム

技術分野

本発明は、RNA干渉（RNA interference）に関し、詳しくは、RNA干渉を利用した試験、製造などの効率を向上させる、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの配列設計方法等に関する。以下本明細書においてRNA干渉のことを「RNA i」と表記する場合がある。

また、本発明は、塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システムに関し、特にRNA干渉の標的遺伝子の塩基配列から、標的遺伝子に対してRNA干渉を生じさせる塩基配列を効率よく選択することができる塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システムに関する。

20 背景技術

RNA干渉は、機能阻害したい遺伝子の特定領域と相同なセンスRNAとアンチセンスRNAからなる2本鎖RNA（double-stranded RNA、以下「dsRNA」という）が標的遺伝子の転写産物であるmRNAの相同部分を干渉破壊するという現象で、1998年に線虫を用いた実験により初めて提唱された。しかし、哺乳類においては、約30塩基対以上の長いdsRNAを細胞内へ導入すると、インターフェロンレスポンスが誘導され、細胞がアポトーシスによって死んでしまうため、RNA i法を用いることが困難であった。

一方、マウス初期胚や哺乳類培養細胞では、RNA干渉が起こりえることが示

され、RNA干渉の誘導機構そのものは、哺乳類細胞にも存在することがわかつてき。現在では、およそ21～23塩基対の短い2本鎖RNA（short interfering RNA、siRNA）が、哺乳類細胞系でも細胞毒性を示さずにRNA干渉を誘導できることが示され、哺乳類においてもRNAi法5を利用することが可能となってきている。

発明の開示

RNAi法は様々な応用が期待される技術である。しかし、ショウジョウバエや線虫では、ある遺伝子の特定領域と相同なdsRNAおよびsiRNAは、ほとんどの配列でRNA干渉効果を示すのに対して、哺乳類では無作為に選択した（21塩基の）siRNAの70～80%はRNA干渉効果を示さない。これは、哺乳類においてRNAi法を用いた遺伝子機能解析を行う際に大きな問題点となっている。

また、従来siRNAを設計するにあたっては、試験者等の経験やセンスに依存する部分が大きく、実際にRNA干渉効果を示すsiRNAを高い確率で設計することが困難であった。さらに、RNA合成は、費用、時間等を要することから、RNA干渉を行うために無駄なsiRNAを合成してしまうことは、RNA干渉のさらなる研究や、RNA干渉を利用した数々の利用法の普及を妨げる要因となっていた。

以上のような状況の下、RNAi法をより簡便に効率よく行うことができる手段を提供することを課題とする。

本発明者らは、上記課題を解決するために、RNAi法を用いる際最も労力、時間、費用を要する部分の1つである、siRNAの入手を容易に行う手法について検討を進めた。siRNAの調製は哺乳類において特に問題となっていることから、本発明者らは哺乳類培養細胞系を用いて、RNA干渉に有効なsiRNAの配列規則性を同定することを試みたところ、有効なsiRNAの配列には所定の規則性があることを見いだし、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明は、次の通りである。

〔1〕 RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列から、下記（a）から（d）の規則に従う配列部位を検索する、RNA干渉の標的塩基配列の検索方法。

（a）3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

（b）5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

5 （c）3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

（d）塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

〔2〕 前記規則（c）において、7塩基のうち少なくとも3塩基以上がアデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上である、

10 上記〔1〕に記載の標的塩基配列の検索方法。

〔3〕 前記規則（d）において、塩基数が13～28である、上記〔1〕または〔2〕に記載の標的塩基配列の検索方法。

〔4〕 下記（a）から（d）の規則に従う塩基配列を標的遺伝子の塩基配列から検索し、検索された塩基配列と相同的塩基配列を設計する、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法。

（a）3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

（b）5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

（c）3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

20 （d）塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

〔5〕 前記規則（c）において、7塩基のうち少なくとも3塩基以上がアデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上である、上記〔4〕に記載の塩基配列設計方法。

〔6〕 設計される相同的塩基配列の塩基数が13～28である、上記〔4〕または〔5〕に記載の塩基配列設計方法。

〔7〕 前記設計される相同的塩基配列の少なくとも80%以上の塩基が検索された塩基配列と一致するように設計する、上記〔4〕から〔6〕のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

〔8〕 検索された塩基配列の3'末端の塩基と設計される塩基配列の3'末端の塩基とが同一であり、かつ、検索された塩基配列の5'末端の塩基と設計される塩基配列の5'末端の塩基とが同一である、上記〔4〕から〔7〕のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

5 〔9〕 ポリヌクレオチドの3'末端に、オーバーハング部位を付加する、上記〔4〕から〔8〕のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

〔10〕 2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法であって、一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則に従う規定配列と相同な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、

10 他方の鎖が、前記規定配列と相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、

各鎖の塩基数が15～30であるように設計された2本鎖ポリヌクレオチドを合成する、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法。

15 (a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

20 〔11〕 RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列中から下記(a)から(d)の規則に従う塩基数13～28の配列部位を検索し、一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則に従う規定配列と相同な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、他方の鎖が、前記規定配列と相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、各鎖の塩基数が15～30であるように合成された、2本鎖ポリヌクレオチド。

(a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

[12] RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列中から下記(a)から(d)の規則に従う塩基数13～28の配列部位を検索する工程と、

一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則に従う規定配列と相同な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、他方の鎖が、前記規定配列と相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、各鎖の塩基数が15～30であるように設計された2本鎖ポリヌクレオチドを合成する工程と、

合成された2本鎖ポリヌクレオチドを、発現を抑制しようとする標的遺伝子の発現系に添加して標的遺伝子の発現を抑制する工程と、

を含む、遺伝子発現抑制方法。

(a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

[13] RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の5'末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判定手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の上記3'末端の7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基がリッチな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特

定塩基含有判定手段と、上記3'末端塩基判定手段、上記5'末端塩基判定手段、および、上記特定塩基含有判定手段にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報から上記標的遺伝子に特異的に上記RNA干渉を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択手段と
5 を備えたことを特徴とする塩基配列処理装置。

〔14〕 上記部分塩基配列作成手段は、上記塩基配列情報の上記標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする〔13〕に記載の塩基配列処理装置。

10 〔15〕 上記部分塩基配列作成手段は、異なる生物に由来する複数の上記塩基配列情報の間で共通する、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする〔13〕または〔14〕に記載の塩基配列処理装置。

15 〔16〕 上記リッチな上記塩基配列情報は、上記7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基が少なくとも3塩基以上含まれる上記塩基配列情報をあることを特徴とする〔13〕から〔15〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

20 〔17〕 上記予め定めた上記塩基数は、13～28であることを特徴とする〔13〕から〔16〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

〔18〕 上記部分塩基配列作成手段は、オーバーハング部位を含む上記部分塩基配列情報を作成するオーバーハング部位含有塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする〔13〕から〔17〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

25 〔19〕 上記規定配列情報の少なくとも一方の末端に上記オーバーハング部位を付加するオーバーハング部位付加手段を備えたことを特徴とする〔13〕から〔17〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

〔20〕 上記オーバーハング部位の塩基数は、2であることを特徴とする〔1

8] または [19] に記載の塩基配列処理装置。

[21] 上記規定配列情報と同一または類似の上記塩基配列情報を他の上記塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索手段と、上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報に基づいて、
5 上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価手段とを備えたことを特徴とする [13] から [20] のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

[22] 上記無関係遺伝子標的評価手段は、上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報のうち上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報の総数、および、上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値に基づいて、上記同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出手段と、上記総和算出手段にて算出された上記総和に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価手段とをさらに備えたことを特徴とする [21] に記載の塩基配列処理装置。
10
15

[23] RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の5'末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判定工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の上記3'末端の7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基がリッチな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定工程と、上記3'末端塩基判定工程、上記5'末端塩基判定工程、
20 および、上記特定塩基含有判定工程にて判定された結果に基づいて、上記部分
25

塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報から上記標的遺伝子に特異的に上記RNA干渉を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択工程とを含む塩基配列処理方法をコンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

5 [24] 上記〔23〕に記載されたプログラムを記録したことを特徴とするコンピュータ読み取り可能な記録媒体。

[25] RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を処理する塩基配列処理装置と、クライアント装置とをネットワークを介して通信可能に接続された塩基配列処理システムにおいて、上記クライアント装置は、上記標的遺伝子の名称または上記塩基配列情報を上記塩基配列処理装置に送信する塩基配列送信手段と、上記塩基配列処理装置より送信された、上記標的遺伝子に特異的に上記RNA干渉を生じさせる規定配列情報を取得する規定配列取得手段とを備え、上記塩基配列処理装置は、上記クライアント装置より送信された上記標的遺伝子の名称に対応する塩基配列情報または上記クライアント装置より送信された上記塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の5'末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判定手段と、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の上記3'末端の7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基がリッチな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定手段と、上記3'末端塩基判定手段、上記5'末端塩基判定手段、および、上記特定塩基含有判定手段にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報から上記規定配列情報を選択する規定配列選択手段と、上記規定配列選択手段にて選択された上記規定配列情報を上記クライアント装置に送信する規定配列送

信手段とを備えたことを特徴とする塩基配列処理システム。

[26] RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の5'末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判定工程と、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の上記3'末端の7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基がリッチな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定工程と、上記3'末端塩基判定工程、上記5'末端塩基判定工程、および、上記特定塩基含有判定工程にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報から上記標的遺伝子に特異的に上記RNA干渉を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択工程とを含むことを特徴とする塩基配列処理方法。

[27] 上記部分塩基配列作成工程は、上記塩基配列情報の上記標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする[26]に記載の塩基配列処理方法。

[28] 上記部分塩基配列作成工程は、異なる生物に由来する複数の上記塩基配列情報の間で共通する、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする[26]または[27]に記載の塩基配列処理方法。

[29] 上記リッチな上記塩基配列情報は、上記7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基が少なくとも3塩基以上含まれる上記塩基配列情報であることを特徴とする[26]から[28]のいずれか一つに記載の塩

塩基配列処理方法。

〔30〕 上記予め定めた上記塩基数は、13～28であることを特徴とする〔26〕から〔29〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理方法。

〔31〕 上記部分塩基配列作成工程は、オーバーハング部位を含む上記部分塩基配列情報を生成するオーバーハング部位含有塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする〔26〕から〔30〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理方法。
5

〔32〕 上記規定配列情報の少なくとも一方の末端に上記オーバーハング部位を付加するオーバーハング部位付加工程を含むことを特徴とする〔26〕から〔30〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理方法。
10

〔33〕 上記オーバーハング部位の塩基数は、2であることを特徴とする〔31〕または〔32〕に記載の塩基配列処理方法。

〔34〕 上記規定配列情報と同一または類似の上記塩基配列情報を他の上記塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索工程と、上記同一類似塩基配列検索工程にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価工程とを含むことを特徴とする〔26〕から〔33〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理方法。
15

〔35〕 上記無関係遺伝子標的評価工程は、上記同一類似塩基配列検索工程にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報のうち上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報の総数、および、上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値に基づいて、上記同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出工程と、上記総和算出工程にて算出された上記総和に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価工程とをさらに含むことを特徴とする〔34〕に記載の塩基配列処理方法。
20
25

〔36〕 上記部分塩基配列作成工程は、上記塩基配列情報の上記標的遺伝子の

コード領域、または、転写領域に対応する部位から、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする〔23〕に記載のプログラム。

〔37〕 上記部分塩基配列作成工程は、異なる生物に由来する複数の上記塩基配列情報の間で共通する、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする〔23〕または〔36〕に記載のプログラム。

〔38〕 上記リッチな上記塩基配列情報は、上記7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基が少なくとも3塩基以上含まれる上記塩基配列情報であることを特徴とする〔23〕、〔36〕、〔37〕のいずれか一つに記載のプログラム。

〔39〕 上記予め定めた上記塩基数は、13～28であることを特徴とする〔23〕、〔36〕、〔37〕、〔38〕のいずれか一つに記載のプログラム。

〔40〕 上記部分塩基配列作成工程は、オーバーハング部位を含む上記部分塩基配列情報を作成するオーバーハング部位含有塩基配列作成工程をさらに含むことを特徴とする〔23〕、〔36〕、〔37〕、〔38〕、〔39〕のいずれか一つに記載のプログラム。

〔41〕 上記規定配列情報の少なくとも一方の末端に上記オーバーハング部位を付加するオーバーハング部位付加工程を含むことを特徴とする〔23〕、〔36〕、〔37〕、〔38〕、〔39〕のいずれか一つに記載のプログラム。

〔42〕 上記オーバーハング部位の塩基数は、2であることを特徴とする〔40〕または〔41〕に記載のプログラム。

〔43〕 上記規定配列情報と同一または類似の上記塩基配列情報を他の上記塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索工程と、上記同一類似塩基配列検索工程にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価工程とを含むことを特徴とする〔23〕、〔36〕

、〔37〕、〔38〕、〔39〕、〔40〕、〔41〕、〔42〕のいずれか一つに記載のプログラム。

〔44〕 上記無関係遺伝子標的評価工程は、上記同一類似塩基配列検索工程にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報のうち上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報の総数、および、上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値に基づいて、上記同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出工程と、上記総和算出工程にて算出された上記総和に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価工程とをさらに含むことを特徴とする〔43〕に記載のプログラム。

〔45〕 上記〔23〕、〔36〕から〔44〕のいずれか一つに記載されたプログラムを記録したことを特徴とするコンピュータ読み取り可能な記録媒体。

〔46〕 上記塩基配列処理装置において、上記部分塩基配列作成手段は、上記塩基配列情報の上記標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする〔25〕に記載の塩基配列処理システム。

〔47〕 上記塩基配列処理装置において、上記部分塩基配列作成手段は、異なる生物に由来する複数の上記塩基配列情報の間で共通する、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする〔25〕または〔46〕に記載の塩基配列処理システム。

〔48〕 上記塩基配列処理装置において、上記リッチな上記塩基配列情報は、上記7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基が少なくとも3塩基以上含まれる上記塩基配列情報であることを特徴とする〔25〕、〔46〕、〔47〕のいずれか一つに記載の塩基配列処理システム。

〔49〕 上記塩基配列処理装置において、上記予め定めた上記塩基数は、13～28であることを特徴とする〔25〕、〔46〕、〔47〕、〔48〕のいず

れか一つに記載の塩基配列処理システム。

[50] 上記塩基配列処理装置において、上記部分塩基配列作成手段は、オーバーハング部位を含む上記部分塩基配列情報を作成するオーバーハング部位含有塩基配列作成手段をさらに備えたことを特徴とする [25]、[46]、[47]、
5 [48]、[49] のいずれか一つに記載の塩基配列処理システム。

[51] 上記塩基配列処理装置は、上記規定配列情報の少なくとも一方の末端に上記オーバーハング部位を付加するオーバーハング部位付加手段を備えたことを特徴とする [25]、[46]、[47]、[48]、[49] のいずれか一つに記載の塩基配列処理システム。

10 [52] 上記塩基配列処理装置において、上記オーバーハング部位の塩基数は、2であることを特徴とする [50] または [51] に記載の塩基配列処理システム。

[53] 上記塩基配列処理装置は、上記規定配列情報と同一または類似の上記塩基配列情報を他の上記塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索手段と、上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価手段とを備えたことを特徴とする [25]、[46]、[47]、[48]、[49]、[50]、[51]、[52] のいずれか一つに記載の塩基配列処理システム。

20 [54] 上記塩基配列処理装置において、上記無関係遺伝子標的評価手段は、上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報のうち上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報の総数、および、上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値に基づいて、上記同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出手段と、上記総和算出手段にて算出された上記総和に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価手段とをさらに備えたことを特徴とする [53] に記載の塩基配列処理システム。

図面の簡単な説明

第1図は、ヒトとマウスとで共通配列である s i RNA の設計を示す図であり、第2図は、RNA i 効果を示す s i RNA の規則性を示す図であり、第3図は 5 、ヒト F B P 1 およびマウス F b p 1 の塩基配列中の規定配列を有する共通部位 (太字部分) を示す図であり、第4図は、ヒト F B P 1 およびマウス F b p 1 に共通の規定配列を列挙した図であり、第5図は、ヒト F B P 1 およびマウス F b p 1 に共通の規定配列にスコアを付した図であり、第6図は、標的以外の遺伝子 10 をノックアウトしないよう、規定配列のうちの 1 つを B L A S T 検索した結果を示す図であり、第7図は、標的以外の遺伝子をノックアウトしないよう、規定配列のうちの 1 つを B L A S T 検索した結果を示す図であり、第8図は、プログラムの出力結果を示す図であり、第9図は、RNA 断片の設計 (a ~ p) を示す図であり、第10図は、 a ~ p の s i RNA が RNA i 効果を示すか試験した結果を示す図であり、「B」はショウジョウバエ培養細胞における結果を、「C」は 15 ヒト培養細胞における結果を示す図であり、第11図は、 a ~ p の s i RNA の配列の特徴を分析した結果を示す図であり、第12図は、本発明の基本原理を示す原理構成図であり、第13図は、本発明が適用される本システムの塩基配列処理装置 100 の構成の一例を示すブロック図であり、第14図は、標的遺伝子塩基配列ファイル 106 a に格納される情報の一例を示す図であり、第15図は、 20 部分塩基配列ファイル 106 b に格納される情報の一例を示す図であり、第16図は、判定結果ファイル 106 c に格納される情報の一例を示す図であり、第17図は、規定配列ファイル 106 d に格納される情報の一例を示す図であり、第18図は、参照配列データベース 106 e に格納される情報の一例を示す図であり、第19図は、同一類似度ファイル 106 f に格納される情報の一例を示す図 25 であり、第20図は、評価結果ファイル 106 g に格納される情報の一例を示す図であり、第21図は、本発明が適用される本システムの部分塩基配列作成部 102 a の構成の一例を示すブロック図であり、第22図は、本発明が適用される本システムの無関係遺伝子標的評価部 102 h の構成の一例を示すブロック図で

あり、第23図は、本実施形態における本システムのメイン処理の一例を示すフローチャートであり、第24図は、本実施形態における本システムの無関係遺伝子標的評価処理の一例を示すフローチャートであり、第25図は、標的発現ベクターpTRECの構造を示す図であり、第26図は、実施例2の2.(2)におけるプライマーの一方がイントロンを挟む形でデザインされていない場合のPCRの結果を示す図であり、第27図は、実施例2の2.(2)におけるプライマーの一方がイントロンを挟む形でデザインされている場合のPCRの結果を示す図であり、第28図は、siRNA; siVIM35の配列および構造を示す図であり、第29図は、siRNA; siVIM812の配列および構造を示す図であり、第30図は、
10 siRNA; siControlの配列および構造を示す図であり、第31図は、siVIM812およびsiVIM35のRNAi活性をアッセイした結果を示す図である。第32図は、siControl、siVIM812およびsiVIM35のビメンチンに対するRNAi活性を示す図であり、第33図は、抗体染色の結果を示す図であり、第34図は、プログラムにより設計されたsiRNAのルシフェラーゼ遺伝子に対するRNAi活性の測定結果を示す図であり、第35図は、プログラムにより設計されたsiRNAのSARSウイルスが有する配列に対するRNAi活性の測定結果を示す図である。
15
20
25
30
35
。

発明を実施するための最良の形態

本発明の実施の形態を、以下の<1>から<7>順に従って説明する。

<1> RNA干渉の標的塩基配列検索方法

<2> RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法

<3> 2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法

<4> 遺伝子の発現抑制方法

<5> siRNA配列設計プログラム

<6> siRNA配列設計ビジネスモデルシステム

<7> siRNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置等

< 1 > R N A 干渉の標的塩基配列検索方法

本発明の検索方法は、標的とする遺伝子の塩基配列中から、R N A干渉の起因となる塩基配列を探し出す方法である。具体的には、本発明の検索方法では、R N A干渉の標的遺伝子の塩基配列から、下記（a）から（d）の規則に従う配列部位を検索する。

（a）3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

（b）5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

（c）3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。

（d）塩基数が、細胞毒性を生じさせずにR N A干渉を生じさせ得る数である。

「標的遺伝子」における「遺伝子」とは、遺伝情報をコードする媒体のこという。「遺伝子」はDNA、RNA、DNAおよびRNAの複合体など遺伝情報をコードする物質により構成されるが、遺伝情報としては物質そのものではなく塩基配列を電子データ化したものをコンピュータ上などで扱うことが可能である。

「標的遺伝子」は、1つのコード領域としてもよいし、複数のコード領域に渡り標的としてもよいし、また、配列が判明したすべてのポリヌクレオチドを標的としてもよい。特定の機能を有する遺伝子について検索したい場合には、その特定遺伝子のみを標的とすることにより、当該特定遺伝子に特異的にR N A干渉を生じさせる塩基配列を効率よく検索することができる。すなわち、R N A干渉はm R N Aを干渉破壊する現象として知られており、特定のコード領域を選択することにより検索負荷を軽減できる。また、転写領域のひとまとまりを標的遺伝子として検索してもよい。なお、本明細書において塩基配列は特に断らない限りセンス鎖、すなわち、m R N Aの配列を基準として示す。また、本明細書中では上記（a）から（d）の規則を満たす塩基配列のことを「規定配列」という。上記規則においては、塩基配列がDNAの配列であればチミンが、R N Aの配列であればウラシルが対応する。

規則（c）は、3'末端近傍の配列にアデニン、チミン、およびウラシルからなる群より選ばれる塩基がリッチに含まれていることを規定しており、具体的に

検索を行う際の一指標として 3' 末端部から 7 塩基の範囲内において、アデニン、チミン、およびウラシルから選ばれる塩基がリッチな配列であることを規定している。

規則 (c) において、「リッチな配列」とは特定の塩基が現れる頻度が高いことを意味し、割合を概略的に示すと、規定配列における 3' 末端側の 5 ~ 10 塩基、好ましくは 7 塩基の配列中にアデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上が、少なくとも 40% 以上、より好ましくは 50% 以上含まれることを意味する。より具体的には、例えば約 19 塩基程度の規定配列の場合を例に挙げると、3' 末端側の 7 塩基のうち好ましくは少なくとも 3 塩基以上、より好ましくは 4 塩基以上、特に好ましくは 5 塩基以上が、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上である。

規則 (c) に該当するか否かを確認する手段は特に制限はなく、7 塩基中の好ましくは 3 塩基以上、より好ましくは 4 塩基以上、特に好ましくは 5 塩基以上がアデニン、チミンまたはウラシルであることを確認できればよい。例えば、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上が、3' 末端側の 7 塩基の配列中に 3 つ以上含まれることをリッチであると定義した場合を例として説明すると、3' 末端の第 1 番目の塩基から逐次上記 3 種の塩基のいずれかであるか照合し、第 7 番目の塩基に至るまでに 3 つ現れた場合に、規則 (c) に適合すると判断することができる。例えば、第 3 番目までに 3 つ現れれば、3 つの塩基を調べれば足りる。すなわち、規則 (c) について検索する場合、必ずしも 3' 末端側の 7 塩基についてすべて照合することは要しない。逆に第 7 番目までに 3 つ以上現れなければリッチではなく、規則 (c) を満たさないと判断される。

二本鎖ポリヌクレオチドにおいてはアデニンとチミンまたはウラシルとが相補的に水素結合することは周知である。また、グアニンとシトシンとの相補的な水素結合 (G-C 水素結合) においては 3 つの水素結合部位が形成されるのに対し、アデニンとチミンまたはウラシルとの相補的水素結合 (A-(T/U) 水素結

合)においては2つの水素結合部位からなり、一般的に言ってG-C水素結合に対し、A-(T/U)水素結合のほうが結合力は弱い。

規則(d)においては、検索する塩基配列の塩基数を規定している。検索する塩基配列の塩基数は、RNA干渉を生じさせ得る塩基数である。また、生物の種類などの条件により、塩基数があまりに大きすぎるsiRNAでは細胞毒性を生じてしまうことが知られている。塩基数の上限は、RNA干渉を生じさせようとする生物の種類などにより異なるが、siRNAを構成する一本鎖の塩基数はいずれの種にせよ30以下であることが好ましい。また、哺乳動物の塩基数については、好ましくは24以下、より好ましくは22以下である。また、下限はRNA干渉を生じさせる限りにおいて特に制限されるものではないが、好ましくは10以上、より好ましくは18以上、さらに好ましくは20以上である。siRNAを構成する一本鎖としての塩基数は、21で検索することが特に好ましい。

なお、下記にても説明するが、siRNAには、規定配列の3'末端にオーバーハング部が設けられる。オーバーハング部は塩基数2であることが好適である。したがって、オーバーハング部を含めず、規定配列のみの塩基数の上限としては、好ましくは28以下、より好ましくは22以下、さらに好ましくは20以下であり、下限としては、好ましくは13以上、より好ましくは16以上、さらに好ましくは18以上である。規定配列の最も好ましい塩基数は19である。RNAiの標的塩基配列の検索は、オーバーハング部を含める場合および含めない場合のいずれで検索してもよい。

規定配列に従う塩基配列は、RNA干渉を生じさせる確率が極めて高い。したがって、本発明の検索方法により、RNA干渉を生じさせる配列を極めて高い確率で検索することが可能であり、RNA干渉を生じせるポリヌクレオチドの設計を簡便化することができる。

また、他の好ましい例として、規定配列は7塩基以上グアニン(G)および/またはシトシン(C)が連続した配列を含まない配列であることなどが挙げられる。7塩基以上グアニンおよび/またはシトシンが連続するというのは、例えば、グアニンまたはシトシンの一方のみが連続する場合と、グアニンおよびシトシ

ンとが混在する配列となっている場合の双方を含み、より具体的には、G G G G G G G、C C C C C C Cのほか、GおよびCの混合配列であるG C G G C C Cなども含まれる。

なお、規定配列の検索は、塩基数を定めた上で上記の（a）から（c）の規則
5 などに従う部分を検索するようなプログラムを搭載するコンピュータを用いて効率的に検出可能である。より具体的な実施の形態は下記<5>s i RNA配列設計
プログラム、および、<7>s i RNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置等の欄に示す。

<2>RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法

10 本発明の塩基配列設計方法は、上記の検索方法により検索された塩基配列に基づいてRNA干渉を生じさせるポリヌクレオチド（s i RNA）の塩基配列を設計するものである。s i RNAは主としてRNAからなるが、一部にDNAが含まれている混成ポリヌクレオチドも含まれる。本発明の塩基配列設計方法では、
上記（a）から（d）の規則に従う塩基配列を標的遺伝子の塩基配列から検索し
15 、検索された塩基配列と相同的な塩基配列を設計する。また、他の好ましい設計例としては、規定配列は7塩基以上グアニン（G）および／またはシトシン（C）が連続した配列を含まない配列であることなどを考慮してもよい。（a）から（d）の規則および検索の手法などについては、上記本発明の検索方法について説明したとおりである。

20 「相同的な配列」とは、同一の配列および当該RNA干渉を生じさせるという機能を失わない範囲で同一配列に対し欠失、置換、挿入などの変異を含む配列のことという。標的遺伝子の種類、配列などの条件にもよるが、許容される変異を相同性（ホモロジー）で例示すると、好ましくは80%以上、より好ましくは90%以上、さらに好ましくは95%以上である。許容される変異の程度としての相同性を算出する場合、同一の検索アルゴリズム用いて算出された数値どうしを比較することが望ましい。検索アルゴリズムは特に限定されないが、局所的な配列の検索に適したもののが好適であり、より具体的にはBLAST、searchなどを好適に用いることができる。

上記のように、検索された配列は若干の改変が許容されるが、設計される塩基配列の塩基数は、検索された配列と同一とすることが特に好ましい。塩基数を同一とした場合について改変の許容度を例示すると、設計される塩基配列の塩基が、好ましくは80%以上、より好ましくは90%以上、特に好ましくは95%以上検索された配列と一致することが好適である。例えば、塩基数19の塩基配列を設計する場合であれば、好ましくは16塩基以上、より好ましくは18塩基以上が、検索された塩基配列と一致することが好ましい。また、検索された塩基配列と相同的な配列を設計する場合、検索された塩基配列の3'末端の塩基と設計される塩基配列の3'末端の塩基とは同一であることが望ましく、また、検索された塩基配列の5'末端の塩基と設計される塩基配列の5'末端の塩基とが同一であることが望ましい。

通常 siRNA分子には、オーバーハング部が設けられる。オーバーハング部とは、2本鎖のsiRNA分子において、各鎖の3'末端に設けられた、一本鎖の状態で突出した部分である。オーバーハング部は、生物の種類などにもよるが、塩基数は2が特に好適である。オーバーハング部の塩基配列は、基本的には任意であるが、検索元の標的遺伝子と同一の塩基配列、TT、あるいはUUなどが好適に用いられる場合がある。上記のように検索された塩基配列と相同的な配列となるように設計された規定配列の3'末端に、オーバーハング部を設けることにより、siRNAを構成するセンス鎖が設計される。

また、最初から規定配列およびオーバーハング部を含めて検索を行い、設計することもできる。オーバーハング部の好ましい塩基数は2である。したがって、例えば、塩基数19の規定配列および塩基数2のオーバーハング部からなるsiRNAを構成する一本鎖の設計をする場合には、オーバーハング部を含めたsiRNAの塩基数としては塩基数21の配列を標的遺伝子から検索すればよく、また2本鎖の状態について検索する場合には、塩基数23の配列を検索してもよい。

本発明の塩基配列設計方法では、上記のように所望の標的遺伝子から所定の配列を検索してくるが、RNA干渉を生じさせようとする対象は、標的遺伝子の由

来と必ずしも一致せずともよく、類縁種などに適用可能である。例えば、第1の種から単離された遺伝子を標的遺伝子とし、第1の種の類縁種である第2の種に用いる s i RNA を設計することもできる。さらに、例えば複数種の哺乳類から共通配列を検索し、この共通配列から上記規定配列を検索して設計することにより、哺乳類に幅広く適用可能な s i RNA の設計が可能である。複数の哺乳類に共通する配列は、他の哺乳類においても保存されている確率が高いと考えられるためである。

標的遺伝子と関係のない遺伝子についてまで RNA 干渉を生じさせないようにするためにには、設計した配列と同一または類似の配列が他の遺伝子に含まれていないか検索することが好ましい。設計した配列と同一または類似の配列の検索は、一般的なホモロジー検索を行うことができるソフトウェア等を用いて行えばよい。このような同一／類似配列を除外することにより、標的とする遺伝子のみに特異的に RNA 干渉を生じさせる配列を設計することができる。

本発明の設計方法により、RNA 干渉を生じさせる RNA 分子を、高い確率で 15 しかも容易に設計することができる。RNA の合成は、未だ労力、時間、費用を要するが、本発明の設計方法によりそれらを大幅に軽減することが可能である。

<3> 2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法

本発明の 2 本鎖ポリヌクレオチドの作製方法は、RNA 干渉を生じさせる確率の高い 2 本鎖ポリヌクレオチドを作製する方法である。本発明の 2 本鎖ポリヌク 20 レオチドは、ポリヌクレオチドの塩基配列が上記本発明の塩基配列設計方法に従って設計され、その配列設計に従うように 2 本鎖ポリヌクレオチドが合成される。配列の設計における好ましい形態は、上記塩基配列設計方法についての説明と同様である。

2 本鎖ポリヌクレオチドは RNA 干渉を生じさせる 2 本鎖ポリヌクレオチドを 25 合成するものであり、このような 2 本鎖ポリヌクレオチドとして s i RNA が知られている。なお、本発明の製造法により製造される 2 本鎖ポリヌクレオチドは RNA により構成されることが好ましいが、一部に DNA を含む混成ポリヌクレオチドであってもよい。本明細書では一部に DNA を含むものも s i RNA の概

念に含める。また、本発明者らの研究によれば、*s i RNA*は構造・機能的にアシンメトリー性（非対称性）を有する傾向が認められ、RNA干渉を生じさせるという目的からすると、センス鎖の5'末端側の半分、アンチセンス鎖の3'末端側の半分はRNAで構成されることが望ましい。

5 2本鎖ポリヌクレオチドは、一方の鎖が標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、(a)から(d)の規則に従う規定配列と相同的な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、他方の鎖が、前記規定配列と相同的な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成される。各鎖の塩基数はオーバーハング部を含め18~24であり、より好ましくは20~22、特に好ましくは21である。また、オーバーハング部の塩基数は2であることが好ましい。全体の塩基数が21、そのうちオーバーハング部が塩基数2で構成される*s i RNA*は、哺乳類でも細胞毒性を生じさせずに高確率でRNA干渉を生じさせる*s i RNA*として好適である。

15 RNAの合成は、例えば、化学合成によって合成してもよいし、また、通常のバイオテクノロジー等の手法に従って行うこともでき、所定の配列を有するDNA鎖を作製し、これを鋳型として転写酵素を用いて一本鎖RNAを合成し、一本鎖RNAを2本鎖化するなどの手法により合成することができる。

なお、分子生物学的な基本的手法については、BASIC METHODS IN MOLECULAR BIOLOGY (1986) ; Sambrookら、MOLECULAR CLONING: A LABORATORY MANUAL、第2版、Cold Spring Harbor Laboratory Press、Cold Spring Harbor、N. Y. (1989)、細胞工学ハンドブック、黒木登志夫ら編、羊土社 (1992)、新遺伝子工学ハンドブック改訂第3版、村松ら編、羊土社 (1999)など、多くの標準的な実験マニュアルがある。

上記本発明の製造方法により得られるポリヌクレオチドとして好ましい形態を示すと、RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列中から前記(a)から(d)の規則に従う塩基数13~28の配列部位を検索し、一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配

列中に含まれる、前記（a）から（d）の規則に従う規定配列と相同的な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、他方の鎖が、前記規定配列と相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、各鎖の塩基数が15～30であるように合成された、2本鎖ポリヌクレオチドが例示される。当該ポリヌクレオチドは、RNA干渉を生じさせる確率の高いポリヌクレオチドである。

また、siRNAを発現するような発現ベクターを調製することもできる。規定配列を含む配列を発現するベクターを、発現が行われ得る無細胞系または細胞系の条件下におくことで、発現ベクターを用いて所定のsiRNAを供給することができる。

従来、siRNAの設計は、試験者の経験や勘に依存していたため、試行錯誤を繰り返すことが多かった。しかし、本発明の2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法により、RNA干渉を生じさせる2本鎖ポリヌクレオチドを高い確率で製造することが可能である。上記本発明の検索方法、配列設計方法またはポリヌクレオチドの作製方法によれば、RNA干渉を利用した各種の試験や製造等に要する労力、時間、コストを大幅に削減することが可能である。すなわち、本発明は、遺伝子解析、創薬ターゲットの探索、創薬、遺伝子治療、生物種間の差の研究などのRNA干渉を利用する様々な試験、研究、開発、製造等を大幅に簡便にし、効率の向上を図ることができる。

20 <4>遺伝子の発現抑制方法

本発明の遺伝子発現抑制方法は、所定の塩基配列を検索する工程と、検索された塩基配列に基づいてsiRNAの塩基配列を設計して合成する工程と、得られたsiRNAを標的遺伝子を含む発現系に導入する工程とを含む。

所定の塩基配列を検索する工程は、上記RNA干渉の標的塩基配列検索方法に従う。好ましい態様も上記の通りである。また、検索された塩基配列に基づいてsiRNAの塩基配列を設計して合成する工程は、上記、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法に従って行うことができ、好ましい形態も同様である。

得られた2本鎖ポリヌクレオチドは、標的遺伝子の発現系に添加して標的遺伝子の発現を抑制する。標的遺伝子の発現系とは、標的遺伝子が発現している体系のことであり、より具体的には、少なくとも標的遺伝子のmRNAが形成される反応系を備える系である。標的遺伝子の発現系としては、In vitro、In vivoのいずれも含まれる。標的遺伝子の発現系として、培養細胞、培養組織、生体などのほか、無細胞系で用いることも可能である。発現抑制をしようとする標的遺伝子（抑制標的遺伝子）は必ずしも検索された配列の由来と一致する生物種のものに限らずともよいが、検索対象遺伝子と抑制対象遺伝子の由来が近縁であればあるほど、特異的かつ効果的に特定遺伝子の抑制を行うことができる。

標的遺伝子の発現系に導入するとは、標的遺伝子の発現反応系の中に取り込ませることである。具体的に例を挙げると、標的遺伝子を有する培養細胞に2本鎖ポリヌクレオチドをトランスフェクトし、細胞内に取り込ませる、規定配列およびオーバーハング部からなる塩基配列を有する発現ベクターを作製し、標的遺伝子を有する細胞内に導入するなどの手法が挙げられる。

本発明の遺伝子抑制方法によれば、効率よくRNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドを得られるため、効率よく、また簡便に遺伝子を抑制することが可能である。

<5> siRNA配列設計プログラム

以下、siRNA配列設計プログラムの実施形態例を説明する。

(5-1) プログラムの概要

本プログラムは、ゲノムのシークエンスが進んでいない種、たとえばウマ、ブタなどに対してRNA干渉を行う際に、既に公開されているヒトとマウスのホモログの配列情報をもとに、目的の種で使用可能なsiRNAの配列を計算するものである。本プログラムでsiRNAを設計すれば、標的遺伝子をシークエンスすることなく迅速にRNA干渉を行うことができる。siRNAの設計（計算）にあたっては、GまたはC配分の規則（上記（a）～（d）で示される規則）を考慮してRNAi活性を有する確率が高い配列を選ぶとともに、標的遺伝子とは

無関係の遺伝子に対してRNA干渉が起こらないようホモロジーサーチによるチェックを行っている。なお、本明細書において「GまたはC」を「G／C」と、「AまたはT」を「A／T」とそれぞれ表記する場合がある。また、「A／T(U)」とは、デオキシリボ核酸による配列の場合T(チミン)であり、リボ核酸による配列の場合U(ウラシル)であることを示す。

(5-2) si RNA設計の方針

ヒトの遺伝子Xおよび、そのホモログであるマウスの遺伝子Xの配列が既知であるとする。本プログラムはそれらの配列を読み込み、コード領域(CDS)部分から23塩基以上の完全に共通な配列を探し出す。この共通部分からsiRNAを設計すれば、そのsiRNAはヒトとマウスの遺伝子Xをともに標的とすることができる(第1図)。

ヒトとマウスとで完全に共通な部分は、他の哺乳類でも保存されている確率が高いと考えられるので、上記のsiRNAはヒトとマウスの遺伝子Xのみならず、他の哺乳類の遺伝子Xに対しても機能することが期待される。つまり、標的遺伝子の配列が未知の動物種であっても、対応するヒトとマウスのホモログについて配列情報が既知であれば、本プログラムを用いてsiRNAを設計することができる。

なお、哺乳類においては、実際に機能するsiRNAは配列に規則性があることが判っている(第2図)。本プログラムでは、その規則に適合した配列のみを選ぶようにした。第2図は、RNAi効果を示すsiRNAの配列の規則性(siRNAのG/C配分の規則)を示す図である。第2図において、21塩基の長さをもつ2本のRNA鎖が、それぞれ3'側に2塩基のオーバーハングを持つように5'側の19塩基どうして塩基対を形成しているようなsiRNAで、塩基対を形成している19塩基のうちコーディング側の配列の、1) 3'末端がA/Uであること、2) 5'末端がG/Cであること、3) 3'側の7文字は、A/Uの割合が高いこと、が求められる。特に、1)および2)の条件は重要である。

(5-3) プログラムの構造

本プログラムは3つの部分から構成されている。すなわち、(5-3-1)ヒトとマウスとで共通部位の配列（部分配列）を検索する部分、(5-3-2)G／C配分の規則に基づいて配列にスコアをつける部分、(5-3-3)無関係の遺伝子を標的にしないようホモジーサーチによりチェックする部分、である。

5 (5-3-1) 共通配列を検索する部分

複数の塩基配列ファイル(file1, file2, file3, ...)を読み込み、全ファイルに共通に出現する23文字の配列をすべて見いだす。

(計算例)

file1としてヒトの遺伝子FBP1 (NM_000507:Homo sapiens fructose-1,6-bisphosphatase 1)、file2としてマウスの遺伝子FBP1 (NM_019395:Mus musculus fructose bisphosphatase 1)の配列をプログラムに入力した。その結果、両者の配列(第3図)から両者に共通な23文字の配列(ヒトFBP1とマウスFBP1に共通な配列)が15個見いだされた(第4図)。

(5-3-2) 配列にスコアをつける部分

前述のG／C配分の規則に適合した配列のみを選択するために、23文字の配列に対してスコアを付ける。

(方法)

20 23文字の配列に対して、以下のようにスコアを付ける。

スコア1：先頭から21文字目がA／Uか。 [no=0, yes=1]

スコア2：先頭から3文字目がG／Cか。 [no=0, yes=1]

スコア3：先頭から15文字目から21文字目までの7文字のうち、A／Uの数。 [0-7]

25 総合スコア：スコア1～3の積。ただし積が3以下の場合は0とする。

(計算例)

第4図に示した15個の配列に対して計算を行った結果を、第5図に示す。第5図は、ヒトFBP1とマウスFBP1に共通な配列にスコアを付した図である

。なお、第5図に示す配列の後には、スコア1、スコア2、スコア3、総合スコアが順に記載されている。

(5-3-3) 無関係の遺伝子を標的にしないようチェックする部分

5 設計した s i R N Aが、標的遺伝子とは無関係の遺伝子に対して機能しないよう、公開されているヒト・マウスの全mR N Aに対してホモロジーサーチを行い、無関係の遺伝子がヒットする度合いを評価する。ホモロジーサーチには各種アルゴリズムが使用可能であるが、ここでは、B L A S Tを使用した例を示す。なお、B L A S Tを用いる場合は、検索配列が23塩基と短いことを考慮して、W o r d S i z eを十分に小さくすることが望ましい。

10 B L A S Tの結果、E v a l u eが10.0以下のヒットのうち、標的遺伝子以外の全てのヒットについて、E v a l u eの逆数の総和を求める（以下、この値をホモロジー・スコアと呼ぶ）。すなわち、ホモロジー・スコア（X）は、下記式により求められる。

$$X = \sum_{\text{all hits}} \frac{1}{E}$$

15 注意点：E v a l u eが低いヒットほど、q u e r yの23文字とホモロジーが高く、s i R N Aの標的とされる危険性が高い。また、ヒットの数が多いほど、より多くの無関係な遺伝子を標的にする確率が高い。この2点を考慮して、s i R N Aが標的遺伝子と無関係の遺伝子を標的にする危険性を、上の式を用いて評価している。

20 (計算例)

23文字の配列に対して、上記のホモロジーサーチを行った結果と、ホモロジー・スコアを示す（第6図、第7図）。なお、第6図には、ヒトF B P 1とマウスF b p 1に共通な配列「c a c c c t g a c c c g c t t c g t c a t g g」をB L A S Tした結果が示されており、最初の2行は、マウスF b p 1とヒトF B P 1がヒットしたものである。ホモロジー・スコアは5.9で、ヒットが少な

い例である。この配列の s i RNA は、他の遺伝子を標的にする危険性が低い。また、第 7 図には、ヒト F B P 1 とマウス F b p 1 に共通な配列「g c c t t c t g a g a a g g a t g c t c t g c」を BLAST した結果が示されている。ヒットが多い例で、ホモロジー・スコアは 170.8 である。他の遺伝子を標的 5 にする危険性が高いため、s i RNA として適さない。

実際には、上記の (5-3-1)、(5-3-2)、(5-3-3) の部分は一体として構成してもよく、第 3 図に示したヒトとマウスの配列を入力すると、第 8 図のような出力が直接得られる。ここで、第 8 図に示す配列の後には、スコア 1、スコア 2、スコア 3、総合スコア、および、ホモロジー・スコアを 10 倍 10 した値が順に記載されている。なお、処理時間短縮のため、総合スコアが 0 の配列はホモロジー・スコアを計算しないようにしてもよい。この結果から、s i RNA として「36 c a c c t g a c c c g c t t c g t c a t g g」の部分を使えばよいことがわかる。また、(5-3-1)、(5-3-2)、(5-3-3) の部分のうち 1 つの機能を単独で利用することもできる。

15 (5-4) 実際の計算

ヒト・マウス間のホモログのうち約 6400 遺伝子のペアに対して、実際に本プログラムで s i RNA の設計をおこなった。その結果、約 7 割について、ヒトとマウスとに共通な配列で、かつ有効な s i RNA の配列規則性の規則を満たし、無関係な遺伝子を標的としないような s i RNA が設計できた。

20 これらの s i RNA はヒトとマウスのみならず、多岐の哺乳類で効果的に標的 遺伝子を抑える効果があると期待され、家畜や愛玩動物などへの応用など産業的 価値が高いと考えられる。また本プログラムを用い、同種内の複数の遺伝子、たとえば e I F 2 C 1 と e I F 2 C 2 を同時に標的とする s i RNA を設計するこ とも可能であり、本プログラムが提供する s i RNA 設計の手法は、応用範囲が 25 広くきわめて強力なものといえる。さらに、ヒトとマウスの共通な部分の配列を 用いて PCR プライマーを設計すれば、多岐の哺乳類で目的の遺伝子を増幅でき る、といった利用法もある。

なお、 s i RNA配列設計プログラムを実行する装置の実施の形態は、下記<7>s i RNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置等の欄に詳細に示す。

<6>s i RNA配列設計ビジネスモデルシステム

5 本発明の s i RNA配列設計ビジネスモデルシステムは、 s i RNA配列設計プログラムを適用するにあたり、ゲノムデータベース、 E S T データベース、進化系統樹データベースを本プログラムのロジックに添って単独で或いは組み合わせて参照し、遺伝子配列情報の a v a i l a b l e 状態に応じた効果的な s i R N A を顧客へ提案するというシステムである。 a v a i l a b l e 状態とは、情報が利用可能な状態であることをいう。

10 (1) ゲノム情報が a v a i l a b l e だが O R F の特定が困難なものについては、 E S T 情報、等を基にエクソン想定部位に対して効果的な s i RNA 候補を抽出し、スプライシングバリアントを考慮した s i RNA 配列とその評価結果を表示する。

15 (2) 遺伝子配列、遺伝子名が明らかなものは、遺伝子配列または遺伝子名を入力後、効果的な s i RNA 候補を抽出し、 s i RNA 配列とその評価結果を表示する。

20 (3) ゲノム情報が a v a i l a b l e でないものについては、同種の遺伝子機能を保存している類縁関係（同属、乃至は起源を同じとする）にある生物種の遺伝子配列、或いは進化系統樹的に挿まれた、ゲノム配列が a v a i l a b l e な 2 種類以上の生物種の遺伝子配列、を用いて効果的な s i RNA 候補を抽出し、 s i RNA 配列とその評価結果を表示する。

25 (4) 感染症の遺伝子機能解析、創薬ターゲット発掘には、微生物のゲノムデータベース・進化系統樹データベースへ更に微生物のアポトーシス誘導部位情報、機能発現部位情報を組み合わせて網羅的な s i RNA 候補配列を求める手法が有効である。

<7>s i RNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置等

以下、上述した s i R N A配列設計プログラムを実行する装置である、本発明にかかる塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システムの実施の形態を図面に基づいて詳細に説明する。なお、この実施の形態によりこの発明が限定されるものでは
5 ない。

[本発明の概要]

以下、本発明の概要について説明し、その後、本発明の構成および処理等について詳細に説明する。第 12 図は、本発明の基本原理を示す原理構成図である。

本発明は、概略的に、以下の基本的特徴を有する。すなわち、本発明は、 R N
10 A干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、塩基配列情報の予め定めた塩基
数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する（ステップ S - 1）。

ここで、ステップ S - 1において、塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、
または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基数の部分塩基配列情報を
作成してもよい。また、異なる生物に由来する複数の塩基配列情報（例えば、ヒ
15 トの塩基配列情報およびマウスの塩基配列情報など）の間で共通する、予め定め
た塩基数の部分塩基配列情報を作成してもよい。また、同じ生物種における類似
する複数の塩基配列情報の間で共通する、予め定めた塩基数の共通な部分塩基配
列情報を作成してもよい。また、異なる生物に由来する複数の塩基配列情報の標
的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基
20 数の共通な部分塩基配列情報を作成してもよい。また、同じ生物種における類似
する複数の塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応す
る部位から、予め定めた塩基数の共通な部分塩基配列情報を作成してもよい。これ
により、標的遺伝子に特異的に R N A干渉を生じさせる規定配列を効率よく選
択することができ、計算負荷を軽減できる。

25 さらに、ステップ S - 1において、オーバーハング部位を含む部分塩基配列情
報を作成してもよい。具体的には、例えば、オーバーハング部位が含まれている
ことを表すオーバーハング部位含有情報が付加された部分塩基配列情報を作成し
てもよい。すなわち、部分塩基配列情報とオーバーハング部位含有情報を相互

に関連付けててもよい。これにより、最初から規定配列およびオーバーハング部位を含めて選択を行い、設計することができるようになる。

なお、上述の予め定めた塩基数の上限は、オーバーハング部位を含まない場合は、好ましくは28以下、より好ましくは22以下、さらに好ましくは20以下であり、オーバーハング部位を含む場合は、好ましくは32以下、より好ましくは26以下、さらに好ましくは24以下である。また、予め定めた塩基数の下限は、オーバーハング部位を含まない場合は、好ましくは13以上、より好ましくは16以上、さらに好ましくは18以上であり、オーバーハング部位を含む場合は、好ましくは17以上、より好ましくは20以上、さらに好ましくは22以上である。そして、最も好ましい予め定めた塩基数は、オーバーハング部位を含まない場合は、19であり、オーバーハング部位を含む場合は、23である。これにより、哺乳類においても細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせる規定配列を効率よく選択することができる。

ついで、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する（ステップS-2）。なお、具体的には、例えば、3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるときには「1」を、そうでないときには「0」を判定結果として出力してもよい。

ついで、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報の5'末端の塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する（ステップS-3）。なお、具体的には、例えば、5'末端の塩基がグアニン、または、シトシンであるときには「1」を、そうでないときには「0」を判定結果として出力してもよい。

ついで、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であるか否かを判定する（ステップS-4）。なお、具体的には、例えば、部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報に含まれる、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基の数を判定結果として

出力してもよい。ステップS-4における判定の規則は、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端近傍の塩基配列情報がアデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であることを規定しており、具体的に検索を行う際の一指標として5 3'末端から7塩基の範囲内の塩基配列情報がアデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であることを規定している。

ここで、ステップS-4において、「リッチな塩基配列情報」は、上述の<1>RNA干渉の標的塩基配列検索方法に記述されている「リッチな配列」であり10、具体的には、例えば、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報が19塩基程度からなる場合、当該部分塩基配列情報の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基が少なくとも好ましくは3塩基以上、より好ましくは4塩基以上、特に好ましくは5塩基以上含まれる塩基配列情報である。

15 また、ステップS-2からステップS-4において、オーバーハング部位を含む部分塩基配列情報を判定する場合、部分塩基配列情報のオーバーハング部位を除いた配列部位を判定対象として判定する。

ついで、ステップS-2、ステップS-3、および、ステップS-4にて判定された結果に基づいて、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報から標的遺伝子に特異的にRNA干渉を生じさせる規定配列情報を選択する（ステップ20 S-5）。

具体的には、例えば、ステップS-2にて3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであると判定され、ステップS-3にて5'末端の塩基がグアニン、または、シトシンであると判定され、かつ、ステップS-4にて部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であると判定された部分塩基配列情報を規定配列情報として選択する25。ここで、具体的には、例えば、ステップS-2、ステップS-3、および、ス

ステップS-4にて出力される数値の積を算出し、当該積の値に基づいて、ステップS-1にて作成された部分塩基配列情報から規定配列情報を選択してもよい。

これにより、哺乳類などにおいて、RNA干渉を生じさせる確率が極めて高い、つまりRNA干渉に有効なsiRNAの配列を効率よく、容易に作成すること

5 ができる。

ここで、ステップS-5にて選択された規定配列情報の少なくとも一方の末端にオーバーハング部位を付加してもよい。なお、例えば、ターゲット側を検索する場合は、規定配列情報の両末端にオーバーハング部位を付加してもよい。これにより、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの設計を簡便化することができる。

なお、上述のオーバーハング部位の塩基数は、上述の<2>RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法に記述されている塩基数であり、具体的には、例えば、2が特に好適である。

また、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeq（Reference Sequence project）などの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的に

20 するか否かを評価してもよい。

具体的には、例えば、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsssearchの場合は、「E value」）に基づいて、同一類似の度合い

10

きる。

なお、上述のオーバーハング部位の塩基数は、上述の<2>RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法に記述されている塩基数であり、具体的には、例えば、2が特に好適である。

また、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeq（Reference Sequence project）などの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的に

20 するか否かを評価してもよい。

具体的には、例えば、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsssearchの場合は、「E value」）に基づいて、同一類似の度合い

15

また、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeq（Reference Sequence project）などの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的に

20 するか否かを評価してもよい。

具体的には、例えば、ステップS-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報を（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、sssearchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、検索された同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsssearchの場合は、「E value」）に基づいて、同一類似の度合い

25

を示す値の逆数の総和を算出し、算出された総和に基づいて（例えば、算出された総和の大小などに基づいて）、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価してもよい。

これにより、規定配列情報から、標的とする遺伝子のみに特異的にRNA干渉⁵を生じさせる配列を選出することができる。

以上、本発明により選択された、標的遺伝子と関係のない遺伝子についてまでRNA干渉を生じさせない規定配列情報に基づいてRNAの合成を行えば、それにかかる労力、時間、費用を従来に比べ大幅に軽減することができる。

[システム構成]

まず、本システムの構成について説明する。第13図は、本発明が適用される本システムの構成の一例を示すブロック図であり、該構成のうち本発明に関係する部分のみを概念的に示している。

本システムは、概略的に、RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を処理する塩基配列処理装置100と、配列情報や構造情報等に関する外部データベースや¹⁵ホモロジー検索等の外部プログラム等を提供する外部システム200とを、ネットワーク300を介して通信可能に接続して構成されている。

第13図において、ネットワーク300は、塩基配列処理装置100と外部システム200とを相互に接続する機能を有し、例えば、インターネット等である。

第13図において、外部システム200は、ネットワーク300を介して、塩基配列処理装置100と相互に接続され、利用者に対して配列情報や構造情報等に関する外部データベースやホモロジー検索やモチーフ検索等の外部プログラムを実行するウェブサイトを提供する機能を有する。

ここで、外部システム200は、WEBサーバやASPサーバ等として構成してもよく、そのハードウェア構成は、一般に市販されるワークステーション、パソコンコンピュータ等の情報処理装置およびその付属装置により構成してもよい。また、外部システム200の各機能は、外部システム200のハードウェア

構成中のC P U、ディスク装置、メモリ装置、入力装置、出力装置、通信制御装置等およびそれらを制御するプログラム等により実現される。

第13図において塩基配列処理装置100は、概略的に、塩基配列処理装置100の全体を統括的に制御するC P U等の制御部102、通信回線等に接続されるルータ等の通信装置（図示せず）に接続される通信制御インターフェース部104、入力装置112や出力装置114に接続される入出力制御インターフェース部108、および、各種のデータベースやテーブルなどを格納する記憶部106を備えて構成されており、これら各部は任意の通信路を介して通信可能に接続されている。さらに、この塩基配列処理装置100は、ルータ等の通信装置および専用線等の有線または無線の通信回線を介して、ネットワーク300に通信可能に接続されている。

記憶部106に格納される各種のデータベースやテーブル（標的遺伝子塩基配列ファイル106a～標的遺伝子アノテーションデータベース106h）は、固定ディスク装置等のストレージ手段であり、各種処理に用いる各種のプログラムやテーブルやファイルやデータベースやウェブページ用ファイル等を格納する。

これら記憶部106の各構成要素のうち、標的遺伝子塩基配列ファイル106aは、R N A干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を格納する標的遺伝子塩基配列格納手段である。第14図は、標的遺伝子塩基配列ファイル106aに格納される情報の一例を示す図である。

標的遺伝子塩基配列ファイル106aに格納される情報は、第14図に示すように、R N A干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を一意に識別する塩基配列識別情報（例えば、第14図の「NM_000507」）と、塩基配列情報（例えば、第14図の「A T G G C T G A · · · A G T G A」）とを相互に関連付けて構成されている。

また、部分塩基配列ファイル106bは、R N A干渉の標的遺伝子の塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を格納する部分塩基配列格納手段である。第15図は、部分塩基配列ファイル106bに格納される情報の一例を示す図である。

部分塩基配列ファイル 106 b に格納される情報は、第 15 図に示すように、部分塩基配列情報を一意に識別する部分塩基配列識別情報（例えば、第 15 図の「NM_000507:36」）と、部分塩基配列情報（例えば、第 15 図の「c a c c t . . . t c a t g g」）と、オーバーハング部位が含まれていること 5 を表すオーバーハング部位含有情報（例えば、第 15 図の「含有」）とを相互に関連付けて構成されている。

また、判定結果ファイル 106 c は、後述する 3' 末端塩基判定部 102 b、5' 末端塩基判定部 102 c、および、特定塩基含有判定部 102 d にて判定された結果を格納する判定結果手段である。第 16 図は、判定結果ファイル 106 10 c に格納される情報の一例を示す図である。

判定結果ファイル 106 c に格納される情報は、第 16 図に示すように、部分塩基配列識別情報（例えば、第 16 図の「NM_000507:36」）と、3' 末端塩基判定部 102 b にて判定された結果である 3' 末端塩基判定結果（例えば、第 16 図の「1」）と、5' 末端塩基判定部 102 c にて判定された結果 15 である 5' 末端塩基判定結果（例えば、第 16 図の「1」）と、特定塩基含有判定部 102 d にて判定された結果である特定塩基含有判定結果（例えば、第 16 図の「4」）と、3' 末端塩基判定部 102 b、5' 末端塩基判定部 102 c、および、特定塩基含有判定部 102 d にて判定された結果を総合した結果である 20 総合判定結果（例えば、第 16 図の「4」）とを相互に関連付けて構成されている。

なお、第 16 図において、3' 末端塩基判定結果および 5' 末端塩基判定結果は、3' 末端塩基判定部 102 b、5' 末端塩基判定部 102 c のそれぞれにて「含む」と判定された場合「1」を設定し、「含まない」と判定された場合「0」を設定した場合の一例である。また、第 16 図において、特定塩基含有判定結果は、部分塩基配列情報の 3' 末端の 7 塩基からなる塩基配列情報に含まれる、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上の塩基の数を設定した場合の一例である。さらに、第 16 図において、総合判定結果は、3' 末端塩基判定結果、5' 末端塩基判定結果、および、特定塩基含 25 25

有判定結果の積を設定した場合の一例である。なお、具体的には、例えば、当該積が 3 以下の場合は、「0」を設定してもよい。

また、規定配列ファイル 106d は、標的遺伝子に特異的に RNA 干渉を生じさせる部分塩基配列情報である規定配列情報を格納する規定配列格納手段である 5。第 17 図は、規定配列ファイル 106d に格納される情報の一例を示す図である。

規定配列ファイル 106d に格納される情報は、第 17 図に示すように、部分塩基配列識別情報（例えば、第 17 図の「NM_000507:36」）と、標的遺伝子に特異的に RNA 干渉を生じさせる部分塩基配列情報である規定配列情報 10（例えば、第 17 図の「c a c c t . . . t c a t g g」）とを相互に関連付けて構成されている。

また、参照配列データベース 106e は、後述する同一類似塩基配列検索部 102g にて規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を検索するために参照する塩基配列情報である参照塩基配列情報を格納するデータベースである。なお 15、参照配列データベース 106e は、インターネットを経由してアクセスする外部の塩基配列情報データベースであってもよく、また、これらのデータベースをコピーしたり、オリジナルの配列情報を格納したり、さらに独自のアノテーション情報等を付加したりして作成したインハウスデータベースであってもよい。第 18 図は、参照配列データベース 106e に格納される情報の一例を示す図である。 20

参照配列データベース 106e に格納される情報は、第 18 図に示すように、参照配列識別情報（例えば、第 18 図の「ref | NM_015820.1 |」）と、参照塩基配列情報（例えば、第 18 図の「c a c c t . . . g c a t g g」）とを相互に関連付けて構成されている。

25 また、同一類似度ファイル 106f は、後述する同一類似塩基配列検索部 102g にて検索された同一または類似の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値である同一類似度を格納する同一類似度格納手段である。第 19 図は、同一類似度ファイル 106f に格納される情報の一例を示す図である。

同一類似度ファイル 106f に格納される情報は、第 19 図に示すように、部分塩基配列識別情報（例えば、第 19 図の「NM_000507:36」）と、参照配列識別情報（例えば、第 19 図の「ref | NM_015820.1 |」および「ref | NM_003837.1 |」）と、同一類似度（例えば、第 19 図の「0.52」）とを相互に関連付けて構成されている。

また、評価結果ファイル 106g は、後述する無関係遺伝子標的評価部 102h にて標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価した結果を格納する評価結果格納手段である。第 20 図は、評価結果ファイル 106g に格納される情報の一例を示す図である。

評価結果ファイル 106g に格納される情報は、第 20 図に示すように、部分塩基配列識別情報（例えば、第 20 図の「NM_000507:36」および「NM_000507:441」）と、後述する総和算出部 102m にて算出された総和（例えば、第 20 図の「5.9」および「170.8」）と、評価結果（例えば、第 20 図の「非標的」および「標的」）とを相互に関連付けて構成されている。なお、第 20 図において、「非標的」は、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にしないことを意味し、また、「標的」は、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にすることを意味する。

また、標的遺伝子アノテーションデータベース 106h は、標的遺伝子に関するアノテーション情報を格納する標的遺伝子アノテーション格納手段である。なお、標的遺伝子アノテーションデータベース 106h は、インターネットを経由してアクセスする、遺伝子に関するアノテーション情報を格納する外部のアノテーションデータベースであってもよく、また、これらのデータベースをコピーしたり、オリジナルの配列情報を格納したり、さらに独自のアノテーション情報を付加したりして作成したインハウスデータベースであってもよい。

標的遺伝子アノテーションデータベース 106h に格納される情報は、標的遺伝子を識別する標的遺伝子識別情報（例えば標的遺伝子の遺伝子名、アクセスション（Accession）番号など（例えば、第 3 図の最上部に記載の「NM_000507」、「FBP1」））と標的遺伝子に関する簡略的な情報（例え

ば第3図の最上部に記載の「Homo sapiens fructosae-1, 6-bisphosphate-1」とを相互に関連付けて構成されている。

また、第13図において、通信制御インターフェース部104は、塩基配列処理装置100とネットワーク300（またはルータ等の通信装置）との間における通信制御を行う。すなわち、通信制御インターフェース部104は、他の端末と通信回線を介してデータを通信する機能を有する。

また、第13図において、入出力制御インターフェース部108は、入力装置112や出力装置114の制御を行う。ここで、出力装置114としては、モニタ（家庭用テレビを含む）の他、スピーカを用いることができる（なお、以下においては出力装置114をモニタとして記載する場合がある）。また、入力装置112としては、キーボード、マウス、および、マイク等を用いることができる。また、モニタも、マウスと協働してポインティングデバイス機能を実現する。

また、第13図において、制御部102は、OS（Operating System）等の制御プログラム、各種の処理手順等を規定したプログラム、および所要データを格納するための内部メモリを有し、これらのプログラム等により、種々の処理を実行するための情報処理を行う。制御部102は、機能概念的に、部分塩基配列作成部102a、3'末端塩基判定部102b、5'末端塩基判定部102c、特定塩基含有判定部102d、規定配列選択部102e、オーバーハング部位付加部102f、同一類似塩基配列検索部102g、および、無関係遺伝子標的評価部102hを備えて構成されている。

このうち、部分塩基配列作成部102aは、RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成手段である。ここで、部分塩基配列作成部102aは、第21図に示すように、領域指定塩基配列作成部102i、共通塩基配列作成部102j、および、オーバーハング部位含有塩基配列作成部102kをさらに含んで構成される。

第21図は、本発明が適用される本システムの部分塩基配列作成部102aの構成の一例を示すブロック図であり、該構成のうち本発明に関係する部分のみを概念的に示している。

第21図において、領域指定塩基配列作成部102iは、塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基数の部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成手段である。

また、共通塩基配列作成部102jは、異なる生物に由来する複数の塩基配列情報の間で共通する、予め定めた塩基数の部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成手段である。

また、オーバーハング部位含有塩基配列作成部102kは、オーバーハング部位を含む部分塩基配列情報を作成するオーバーハング部位含有塩基配列作成手段である。

再び第13図に戻り、3'末端塩基判定部102bは、部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定手段である。

また、5'末端塩基判定部102cは、部分塩基配列情報の5'末端の塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判定手段である。

また、特定塩基含有判定部102dは、部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定手段である。

また、規定配列選択部102eは、3'末端塩基判定部102b、5'末端塩基判定部102c、および、特定塩基含有判定部102dにて判定された結果に基づいて、部分塩基配列情報から標的遺伝子に特異的にRNA干渉を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択手段である。

また、オーバーハング部位付加部102fは、規定配列情報の少なくとも一方の末端にオーバーハング部位を付加するオーバーハング部位付加手段である。

また、同一類似塩基配列検索部 102g は、規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を他の塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索手段である。

また、無関係遺伝子標的評価部 102h は、同一または類似の塩基配列情報に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価手段である。ここで、無関係遺伝子標的評価部 102h は、第 22 図に示すように、総和算出部 102m、および、総和基準評価部 102n をさらに含んで構成される。

第 22 図は、本発明が適用される本システムの無関係遺伝子標的評価部 102h の構成の一例を示すブロック図であり、該構成のうち本発明に関係する部分のみを概念的に示している。

第 22 図において、総和算出部 102m は、同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（同一類似度）に基づいて、同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出手段である。

また、総和基準評価部 102n は、総和算出部 102m にて算出された総和に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価手段である。

なお、これら各部によって行なわれる処理の詳細については、後述する。

[システムの処理]

次に、このように構成された本実施の形態における本システムの処理の一例について、以下に第 23 図、および、第 24 図を参照して詳細に説明する。

[メイン処理]

まず、メイン処理の詳細について第 23 図等を参照して説明する。第 23 図は、本実施形態における本システムのメイン処理の一例を示すフローチャートである。

まず、塩基配列処理装置 100 は、部分塩基配列作成部 102a にて行われる部分塩基配列作成処理により、RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して標的遺伝子塩基配列ファイル 106a の所定の記憶領域に格納し、塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成し、作成された 5 部分塩基配列情報を部分塩基配列ファイル 106b の所定の記憶領域に格納する (ステップ SA-1)。

ここで、ステップ SA-1において、部分塩基配列作成部 102a は、領域指定塩基配列作成部 102i の処理により、塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基数の部分塩基配列情報を作成し、作成された部分塩基配列情報を部分塩基配列ファイル 106b の所定の記憶領域に格納してもよい。 10

また、ステップ SA-1において、部分塩基配列作成部 102a は、共通塩基配列作成部 102j の処理により、異なる生物に由来する複数の塩基配列情報（例えば、ヒトの塩基配列情報およびマウスの塩基配列情報など）の間で共通する 15 、予め定めた塩基数の部分塩基配列情報を作成し、作成された部分塩基配列情報を部分塩基配列ファイル 106b の所定の記憶領域に格納してもよい。なお、同じ生物種における類似する複数の塩基配列情報の間で共通する、予め定めた塩基数の共通な部分塩基配列情報を作成してもよい。

また、ステップ SA-1において、部分塩基配列作成部 102a は、領域指定塩基配列作成部 102i 、および、共通塩基配列作成部 102j の処理により、異なる生物に由来する複数の塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基数の共通な部分塩基配列情報を作成し、作成された部分塩基配列情報を部分塩基配列ファイル 106b の所定の記憶領域に格納してもよい。なお、同じ生物種における類似する複数の塩基配列情報の標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、予め定めた塩基数の共通な部分塩基配列情報を作成してもよい。 20 25

さらに、ステップ SA-1において、部分塩基配列作成部 102a は、オーバーハング部位含有塩基配列作成部 102k の処理により、オーバーハング部位を

含む部分塩基配列情報を作成してもよい。具体的には、例えば、部分塩基配列作成部 102a は、オーバーハング部位含有塩基配列作成部 102k の処理により、オーバーハング部位が含まれていることを表すオーバーハング部位含有情報が付加された部分塩基配列情報を作成し、作成された部分塩基配列情報とオーバーハング部位含有情報と相互に関連付けて部分塩基配列ファイル 106b の所定の記憶領域に格納してもよい。

なお、上述の予め定めた塩基数の上限は、オーバーハング部位を含まない場合は、好ましくは 28 以下、より好ましくは 22 以下、さらに好ましくは 20 以下であり、オーバーハング部位を含む場合は、好ましくは 32 以下、より好ましくは 26 以下、さらに好ましくは 24 以下である。また、予め定めた塩基数の下限は、オーバーハング部位を含まない場合は、好ましくは 13 以上、より好ましくは 16 以上、さらに好ましくは 18 以上であり、オーバーハング部位を含む場合は、好ましくは 17 以上、より好ましくは 20 以上、さらに好ましくは 22 以上である。そして、最も好ましい予め定めた塩基数は、オーバーハング部位を含まない場合は、19 であり、オーバーハング部位を含む場合は、23 である。

ついで、塩基配列処理装置 100 は、3' 末端塩基判定部 102b の処理により、ステップ SA-1 にて作成された部分塩基配列情報の 3' 末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定し、判定した結果を判定結果ファイル 106c の所定の記憶領域に格納する（ステップ SA-2）。具体的には、例えば、塩基配列処理装置 100 は、3' 末端塩基判定部 102b の処理により、ステップ SA-1 にて作成された部分塩基配列情報の 3' 末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるときには「1」を、そうでないときには「0」を判定結果ファイル 106c の所定の記憶領域に格納してもよい。

ついで、塩基配列処理装置 100 は、5' 末端塩基判定部 102c の処理により、ステップ SA-1 にて作成された部分塩基配列情報の 5' 末端の塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定し、判定した結果を判定結果ファイル 106c の所定の記憶領域に格納する（ステップ SA-3）。具体的には、例えば、塩基配列処理装置 100 は、5' 末端塩基判定部 102c の処理により、

ステップSA-1にて作成された部分塩基配列情報の5'末端の塩基がグアニン、または、シトシンであるときには「1」を、そうでないときには「0」を判定結果ファイル106cの所定の記憶領域に格納してもよい。

ついで、塩基配列処理装置100は、特定塩基含有判定部102dの処理により、ステップSA-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であるか否かを判定し、判定した結果を判定結果ファイル106cの所定の記憶領域に格納する（ステップSA-4）。具体的には、例えば、塩基配列処理装置100は、特定塩基含有判定部102dの処理により、ステップSA-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報に含まれる、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基の数を判定結果ファイル106cの所定の記憶領域に格納してもよい。ステップSA-4における判定の規則は、ステップSA-1にて作成された部分塩基配列情報の3'末端近傍の塩基配列情報がアデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であることを規定しており、具体的に検索を行う際の一指標として3'末端から7塩基の範囲内の塩基配列情報がアデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であることを規定している。

ここで、ステップSA-4において、「リッチな塩基配列情報」は、上述の<1>RNA干渉の標的塩基配列検索方法に記述されている「リッチな配列」であり、具体的には、例えば、ステップSA-1にて作成された部分塩基配列情報が19塩基程度からなる場合、当該部分塩基配列情報の3'末端の7塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基が少なくとも好ましくは3塩基以上、より好ましくは4塩基以上、特に好ましくは5塩基以上含まれる塩基配列情報である。

また、ステップSA-2からステップSA-4において、オーバーハング部位を含む部分塩基配列情報を判定する場合、部分塩基配列情報のオーバーハング部

位を除いた配列部位を判定対象として判定する。

ついで、塩基配列処理装置 100 は、規定配列選択部 102e の処理により、ステップ SA-2、ステップ SA-3、および、ステップ SA-4 にて判定された結果に基づいて、ステップ SA-1 にて作成された部分塩基配列情報から標的遺伝子に特異的に RNA 干渉を生じさせる規定配列情報を選択し、規定配列ファイル 106d の所定の記憶領域に格納する（ステップ SA-5）。

具体的には、例えば、塩基配列処理装置 100 は、規定配列選択部 102e の処理により、ステップ SA-2 にて 3' 末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであると判定され、ステップ SA-3 にて 5' 末端の塩基がグアニン、または、シトシンであると判定され、かつ、ステップ SA-4 にて部分塩基配列情報の 3' 末端の 7 塩基からなる塩基配列情報が、アデニン、チミン、および、ウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上の塩基がリッチな塩基配列情報であると判定された部分塩基配列情報を規定配列情報として選択し、規定配列ファイル 106d の所定の記憶領域に格納する。ここで、具体的には、例えば、塩基配列処理装置 100 は、規定配列選択部 102e の処理により、ステップ SA-2、ステップ SA-3、および、ステップ SA-4 にて出力される数値の積を算出し、当該積の値に基づいて、ステップ SA-1 にて作成された部分塩基配列情報から規定配列情報を選択してもよい。

ここで、塩基配列処理装置 100 は、オーバーハング部位付加部 102f の処理により、ステップ SA-5 にて選択された規定配列情報の少なくとも一方の末端にオーバーハング部位を付加して、規定配列ファイル 106d の所定の記憶領域に格納してもよい。具体的には、例えば、塩基配列処理装置 100 は、オーバーハング部位付加部 102f の処理により、規定配列ファイル 106d の規定配列情報の項に記憶されている規定配列情報を、少なくとも一方の末端にオーバーハング部位が付加された規定配列情報に書き換えてよい。なお、例えば、ターゲット側を検索する場合は、規定配列情報の両末端にオーバーハング部位を付加してもよい。

なお、上述のオーバーハング部位の塩基数は、上述の <2> RNA 干渉を生じ

させるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法に記述されている塩基数であり、具体的には、例えば、2が特に好適である。

また、塩基配列処理装置100は、同一類似塩基配列検索部102gの処理により、ステップSA-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、searchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、無関係遺伝子標的評価部102hにて行われる無関係遺伝子標的評価処理により、検索された同一または類似の塩基配列情報に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価してもよい。

具体的には、例えば、塩基配列処理装置100は、同一類似塩基配列検索部102gの処理により、ステップSA-5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、searchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、無関係遺伝子標的評価部102hは、総和算出部102mの処理により、検索された同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsearchの場合は、「E value」）に基づいて、同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出し、無関係遺伝子標的評価部102hは、総和基準評価部102nの処理により、算出された総和に基づいて、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価してもよい。

ここで、無関係遺伝子標的評価部102hにて行われる無関係遺伝子標的評価処理の詳細について第24図を参照して説明する。

第24図は、本実施形態における本システムの無関係遺伝子標的評価処理の一例を示すフローチャートである。

まず、塩基配列処理装置100は、同一類似塩基配列検索部102gの処理に

より、ステップS A - 5にて選択された規定配列情報と同一または類似の塩基配列情報を、他の塩基配列情報（例えばNCBIのRefSeqなどの公的データベースで公開されている塩基配列情報）から、例えばBLAST、FASTA、searchなどの既存のホモロジー検索手法を用いて検索し、規定配列情報の識別情報（第19図における「部分塩基配列識別情報」）と、検索された同一または類似の塩基配列情報の識別情報（第19図における「参照配列識別情報」）と、検索された同一または類似の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsearchの場合は、「E value」）（第19図における「同一類似度」）とを相互に関連付けて、同一類似度ファイル106fの所定の記憶領域に格納する。

ついで、無関係遺伝子標的評価部102hは、総和算出部102mの処理により、検索された同一または類似の塩基配列情報のうち標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報の総数、および、標的遺伝子とは無関係の遺伝子の塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値（例えばBLAST、FASTAおよびsearchの場合は、「E value」）に基づいて、同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出し、規定配列情報の識別情報（第20図における「部分塩基配列識別情報」）と算出された総和（第20図における「総和」）とを相互に関連付けて、評価結果ファイル106gの所定の記憶領域に格納する（ステップS B - 1）。

ついで、無関係遺伝子標的評価部102hは、総和基準評価部102nの処理により、ステップS B - 1にて算出された総和に基づいて（例えば、ステップS B - 1にて算出された総和の大小などに基づいて）、規定配列情報が標的遺伝子とは無関係の遺伝子を標的にするか否かを評価し、評価結果（第20図における「非標的」および「標的」）を評価結果ファイル106gの所定の記憶領域に格納する（ステップS B - 2）。

これにて、メイン処理が終了する。

[他の実施の形態]

さて、これまで本発明の実施の形態について説明したが、本発明は、上述した

実施の形態以外にも、請求の範囲に記載した技術的思想の範囲内において種々の異なる実施の形態にて実施されてよいものである。

例えば、塩基配列処理装置 100 がスタンドアローンの形態で処理を行う場合を一例に説明したが、塩基配列処理装置 100 とは別筐体で構成されるクライアント端末からの要求に応じて処理を行い、その処理結果を当該クライアント端末に返却するように構成してもよい。具体的には、例えば、クライアント端末は RNA 干渉の標的遺伝子の名称（例えば遺伝子名、アクセスション番号など）または標的遺伝子に係る塩基配列情報を塩基配列処理装置 100 に送信し、塩基配列処理装置 100 は当該名称に対応する塩基配列情報またはクライアント端末より 10 送信された塩基配列情報に対して制御部 102 で行われる上述した各処理を行い、標的遺伝子に特異的に RNA 干渉を生じさせる規定配列情報を選択してクライアント端末に送信してもよい。この場合、例えば、クエリーの遺伝子に対して公共データベースから配列情報を取得して siRNA を選択してもよく、また、例えば、予め全遺伝子の siRNA を計算して記憶しておく、クライアント端末からの要求（遺伝子の名称またはアクセスション番号など）に対して即座に siRNA を選択し、選択した siRNA をクライアント端末に返してもよい。

また、塩基配列処理装置 100 は、標的遺伝子とは無関係の遺伝子に対する規定配列情報の特異性を確認してもよい。これにより、標的とする遺伝子のみに特異的に RNA 干渉を生じさせる規定配列情報を選出することができる。

また、クライアント端末と塩基配列処理装置 100 とで構成される本システムには、例えば、Web ページの利用者から、siRNA の RNA 干渉効果（例えば、「効く」、「効かない」など）の結果を Web 上でフィードバックしてもらい、利用者からフィードバックされた実験例を塩基配列処理装置 100 に蓄積し、上述した RNA 干渉に有効な siRNA の配列規則性を改善するためのインターフェース機能を導入してもよい。

また、塩基配列処理装置 100 は、規定配列情報から siRNA のセンス鎖の塩基配列情報および当該センス鎖と相補的（complementary）なアンチセンス鎖の塩基配列情報を計算してもよい。具体的には、例えば、塩基配列

処理装置 100 は、上述した各処理の結果、規定配列の両端に各 2 塩基のオーバーハング部を付加した 23 塩基の配列情報として「c a c c c t g a c c c g c t t c g t c a t g g」を選択した場合、センス鎖の塩基配列情報「5' - C C C U G A C C C G C U U C G U C A U G G - 3'」およびアンチセンス鎖の塩基配列情報「5' - A U G A C G A A G C G G G U C A G G G U G - 3'」を計算する。これにより、ポリヌクレオチドを発注する時にセンス鎖、アンチセンス鎖を手作業でまとめる必要がなくなり、利便性が高まる。

また、実施形態において説明した各処理のうち、自動的に行なわれるものとして説明した処理の全部または一部を手動的に行なうこともでき、あるいは、手動的に行なわれるものとして説明した処理の全部または一部を公知の方法で自動的に行なうこともできる。

この他、上記文書中や図面中で示した処理手順、制御手順、具体的名称、各種の登録データや検索条件等のパラメータを含む情報、画面例、データベース構成については、特記する場合を除いて任意に変更することができる。

また、塩基配列処理装置 100 に関して、図示の各構成要素は機能概念的なものであり、必ずしも物理的に図示の如く構成されていることを要しない。

例えば、塩基配列処理装置 100 の各部または各装置が備える処理機能、特に制御部 102 にて行なわれる各処理機能については、その全部または任意の一部を、CPU (Central Processing Unit) および当該 CPU にて解釈実行されるプログラムにて実現することができ、あるいは、ワイヤードロジックによるハードウェアとして実現することも可能である。なお、プログラムは、後述する記録媒体に記録されており、必要に応じて塩基配列処理装置 100 に機械的に読み取られる。

すなわち、ROM または HD などの記憶部 106 などには、OS (Operating System) と協働して CPU に命令を与え、各種処理を行うためのコンピュータプログラムが記録されている。このコンピュータプログラムは、RAM 等にロードされることによって実行され、CPU と協働して制御部 102 を構成する。また、このコンピュータプログラムは、塩基配列処理装置 100 に

対して任意のネットワーク 300 を介して接続されたアプリケーションプログラムサーバに記録されてもよく、必要に応じてその全部または一部をダウンロードすることも可能である。

また、本発明にかかるプログラムを、コンピュータ読み取り可能な記録媒体に格納することもできる。ここで、この「記録媒体」とは、フレキシブルディスク、光磁気ディスク、ROM、EPROM、EEPROM、CD-ROM、MO、DVD、フラッシュディスク等の任意の「可搬用の物理媒体」や、各種コンピュータシステムに内蔵されるROM、RAM、HD等の任意の「固定用の物理媒体」、あるいは、LAN、WAN、インターネットに代表されるネットワークを介してプログラムを送信する場合の通信回線や搬送波のように、短期にプログラムを保持する「通信媒体」を含むものとする。

また、「プログラム」とは、任意の言語や記述方法にて記述されたデータ処理方法であり、ソースコードやバイナリコード等の形式を問わない。なお、「プログラム」は必ずしも单一的に構成されるものに限らず、複数のモジュールやライブラリとして分散構成されるものや、OS (Operating System) に代表される別個のプログラムと協働してその機能を達成するものをも含む。なお、実施の形態に示した各装置において記録媒体を読み取るための具体的な構成、読み取り手順、あるいは、読み取り後のインストール手順等については、周知の構成や手順を用いることができる。

記憶部 106 に格納される各種のデータベース等（標的遺伝子塩基配列ファイル 106a～標的遺伝子アノテーションデータベース 106h）は、RAM、ROM 等のメモリ装置、ハードディスク等の固定ディスク装置、フレキシブルディスク、光ディスク等のストレージ手段であり、各種処理やウェブサイト提供に用いる各種のプログラムやテーブルやファイルやデータベースやウェブページ用ファイル等を格納する。

また、塩基配列処理装置 100 は、既知のパソコン用コンピュータ、ワークステーション等の情報処理端末等の情報処理装置にプリンタやモニタやイメージスキャナ等の周辺装置を接続し、該情報処理装置に本発明の方法を実現させるソフ

トウェア（プログラム、データ等を含む）を実装することにより実現してもよい。
。

さらに、塩基配列処理装置100等の分散・統合の具体的形態は明細書および図面に示すものに限られず、その全部または一部を、各種の負荷等に応じた任意
5 の単位で、機能的または物理的に分散・統合して構成することができる（例えば、グリッド・コンピューティングなど）。例えば、各データベースを独立したデータベース装置として独立に構成してもよく、また、処理の一部をCGI（Common Gateway Interface）を用いて実現してもよい。

また、ネットワーク300は、塩基配列処理装置100と外部システム200
10 とを相互に接続する機能を有し、例えば、インターネットや、イントラネットや、LAN（有線／無線の双方を含む）や、VANや、パソコン通信網や、公衆電話網（アナログ／デジタルの双方を含む）や、専用回線網（アナログ／デジタルの双方を含む）や、CATV網や、IMT2000方式、GSM方式またはPDC／PDC-P方式等の携帯回線交換網／携帯パケット交換網や、無線呼出網や
15 、Bluetooth等の局所無線網や、PHS網や、CS、BSまたはISDB等の衛星通信網等のうちいずれかを含んでもよい。すなわち、本システムは、有線・無線を問わず任意のネットワークを介して、各種データを送受信することができる。

20 実施例

以下、実施例を示し、本発明についてより具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

[実施例1]

<1>RNAi効果を測定するための遺伝子、発現ベクター

25 s i RNAによるRNAi効果を測定するための標的遺伝子としてはホタル（Photinus pyralis, P. pyralis）のluciferase (luc) 遺伝子 (P. pyralis luc 遺伝子: accession number : U47296) を用い、これを含む発現ベクターとし

ではp GL 3 - Controlベクター (Promega社製) を用いた。P. pyralis luc 遺伝子断片はこのベクターの中でSV40のプロモーターとポリAシグナルで挟まれた形になっている。また内部コントロール遺伝子はウミシイタケ (*Renilla reniformis*, R. reniformis) のluc 遺伝子を用い、これを含む発現ベクターとしてp RL-TK (Promega社製) を用いた。

<2> 21塩基2本鎖RNA (siRNA) の合成

21塩基センス鎖と21塩基アンチセンス鎖RNA (第9図にしめされている位置のもの; a ~ p) は、日立計測器サービス株式会社を通じてジェンセット株式会社に合成を委託した。

P. pyralis luc 遺伝子の発現を阻害するために用いた2本鎖RNAは、センス鎖とアンチセンス鎖とを会合させることで作製した。会合は、センス鎖RNAとアンチセンス鎖RNAを、10 mM Tris-HCl (pH 7.5), 20 mM NaCl反応液中で90°C、3分間加熱し、37°Cで1時間インキュベートし、その後室温になるまで放置することで行った。2本鎖ポリヌクレオチドの形成は、TBE緩衝液中の2%アガロースゲルでの電気泳動で検定するが、上記条件では殆どすべての1本鎖ポリヌクレオチドが2本鎖ポリヌクレオチドに会合していた。

<3> 哺乳類細胞培養法

哺乳類培養細胞としては、ヒトのHeLa細胞とHEK293細胞、チャイニーズハムスターのCHO-KI細胞 (RIKEN Cell bank) を用いた。培地はDulbecco's modified Eagle's medium (Gibco BRL社製) に非懾化10%牛胎児血清 (Mitsubishi Kasei社製) 及び抗生素質としてpenicillin (Meiji社製) 10 units/ml、streptomycin (Meiji社製) 50 µg/mlを添加したもの用いた。37°C、5%CO₂存在下で培養した。

<4>哺乳類培養細胞への標的遺伝子、内部コントロール遺伝子、siRNAの培養細胞へのトランスフェクション

哺乳類細胞は $0.2 \sim 0.3 \times 10^6$ cells/mlの濃度で24穴プレートにまき、1日後にCa-phosphate沈殿法(細胞工学ハンドブック、黒木登志夫ら編、羊土社(1992))で $1.0\mu g$ pGL3-Control DNA、0.5または $1.0\mu g$ pRL-TK DNA、及び $0.01, 0.1, 1, 10, 100$ nMの各siRNAを導入した。

<5>ショウジョウバエ細胞培養法

ショウジョウバエ培養細胞としてはS2細胞(Schneider, I., et al., J. Embryol. Exp. Morph., 27, 353-365(1972))を用いた。培地はSchneider's Drosophila medium(Gibco BRL社製)に非懲化10%牛胎児血清(Mitsubishi Kasei社製)及び抗生素質としてpenicillin(Meiji社製)10units/ml、streptomycin(Meiji社製) $50\mu g/ml$ を添加したもの用いた。 $25^\circ C$ 、5%CO₂存在下で培養した。

<6>ショウジョウバエ培養細胞への標的遺伝子、内部コントロール遺伝子、siRNAの培養細胞へのトランスフェクション

このS2細胞は 1.0×10^6 cells/mlの濃度で24穴プレートにまき、1日後にCa-phosphate沈殿法(細胞工学ハンドブック、黒木登志夫ら編、羊土社(1992))で $1.0\mu g$ pGL-3 Control DNA、 $0.1\mu g$ pRL-TK DNA、及び $0.01, 0.1, 1, 10, 100$ nMの各siRNAを導入した。

<7>RNAi効果の測定

siRNAをトランスフェクションした細胞は、トランスフェクション後20時間後に回収し、Dual-Luciferase Reporter Assay System(Promega社製)を用いて、2種類のルシフェラーゼ(P. pyralis luc及びR. reniformis luc)タ

ンパクの発現量（ルシフェラーゼ活性）を測定した。発光量の測定はLumamat LB9507 luminometer (EG&G Berthold) を用いて行った。

<8>結果

5 ルシフェラーゼ活性を測定した結果を第10図に示す。また、ルシフェラーゼ活性と各塩基配列との対応を検討した結果を第11図に示す。

第10図中、Bで示されるグラフはショウジョウバエでの結果であり、Cで示されるグラフはヒトでの結果を示す。第10図に示されるように、ショウジョウバエでは塩基数を21のRNAを作製することにより、殆どの配列においてルシフェラーゼ活性を抑制できた。他方、ヒトの場合については、単に塩基数を21としただけではルシフェラーゼ活性を抑制できる配列が得られにくいことが明らかとなった。

そこで、a～pのRNAの塩基配列の規則性を分析した。配列の分析は、第11図に示すように2本鎖RNAの5箇所について塩基配列を分析した。第11図の表中最上段のaのsiRNAについてみると、ルシフェラーゼ相対活性(RLA)は0.03、アンチセンス鎖について3'末端側から順に見ると、オーバーハング部(OH)の塩基配列がUC、続く7塩基(図11中3' - T)中のG/C含有量(グアニンまたはシトシンの含有量)は57%、さらに続く5塩基(第11図中M)のG/C含有量は20であり、さらに続く7塩基(第11図中5' - T)のG/C含有量は14%であり、5'末端はUであり、合計のG/C含有量は32%である。表中、RLAの値が低いほど、RLAの活性が低く、すなわちルシフェラーゼの発現が抑制されたことを示す。

この結果から、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列は、3'末端がアデニンまたはウラシルであり5'末端がグアニンまたはシトシンである確率が極めて高いことが明らかになった。また、3'末端側の7塩基についてはアデニンまたはウラシルが豊富な状態であることが明らかとなった。

[実施例2]

1. 標的発現ベクターpTRECの構築

下記のようにして標的発現ベクターを構築した。標的発現分子は、RNA i の標的となる配列（以下「標的配列」という場合がある）を有するRNAを発現させる分子である。

5 p C I - n e o (GenBank AccessionNo. U47120、プロメガ社製) のCMVエンハンサー/プロモータ下流に標的mRNA配列を構築した（第25図）。すなわち、コザック配列（K o z a k）、ATG配列、標的となる23塩基対配列クローニングサイト（t a r g e t）及び組み換えのための制限酵素（N h e I、E c o R I、X h o I）認識配列を有する下記の2本鎖オリゴマーを合成した。
10 2本鎖オリゴマーは配列表の配列番号1に示す配列とその相補的な配列とからなる。合成した2本鎖オリゴマーをp C I - n e o のN h e I、X b a I サイトに挿入し、標的発現ベクターp T R E Cを構築した（第25図）。なお、イントロンは、p C I - n e o に当初から組み込まれているβ-グロビン由来のイントロン部位を用いた。

15 5' -gctagccaccatggaaattcacgcgtctcgagtctaga-3' (配列番号1)

第25図に示すp T R E Cは、プロモーターおよびエンハンサー（p r o / e n h）、とPCRプライマーに対応する領域PAR (F) 1およびPAR (R) 1を備ええる。PAR (F) 1にはイントロン（I n t r o n）が挟み込まれており、発現ベクターそのものがPCRの鑄型とならないように設計されている。
20 p T R E Cは、RNAの転写後、真核生物の培養細胞などのスプライシングが行われる環境下において、イントロン部位が除去され、PAR (F) 1が連結される。p T R E Cから形成されたRNAはRT-PCRにより増幅できる。イントロンは、p C I - n e o に当初から組み込まれているβ-グロビン由来のイントロン部位を用いた。

25 p T R E Cには、コントロールとしてネオマイシン耐性遺伝子（n e o）が組み込まれており、ネオマイシン耐性遺伝子内の配列の一部に対応するPCRプライマーを作製し、ネオマイシン耐性遺伝子の一部についてRT-PCRを行うことにより、ネオマシン耐性遺伝子を内部標準コントロール（インターナルコントロール）として用いることができる。PAR (F) 2およびPAR (R) 2は、

ネオマイシン耐性遺伝子中のPCRプライマー対応領域を示す。なお、第25図の例には示していないが、PAR(F)2またはPAR(R)2の少なくとも一方にもイントロンを挟み込んでおくこともできる。

2. 標的mRNA検出用プライマーの効果

5 (1) 培養細胞へのトランスフェクション

24穴プレートの1穴あたりに0.2~0.3×10⁶cellsのHeLa細胞をまき、1日後にLipofectamine 2000 (Invitrogen社製)を用いて、マニュアルにしたがって0.5μgのpTRECベクターをトランスフェクトした。

(2) 細胞の回収およびmRNAの定量

10 トランスフェクションの1日後、細胞を回収し、Trizol(Invitrogen社製)を用いて全RNAを抽出した。このRNA 100ngを用いて、オリゴ(dT)をプライマーとし、SuperScript II RT(Invitrogen社製)により逆転写してcDNA合成反応を行った。コントロールとして、逆転写酵素を加えないものを用意した。得られたcDNAの320分の1量をPCRテンプレートとし、SYBR Green
15 PCR Master Mix(Applied Biosystems社製)を用いて、50μlの反応系で定量的PCRを行い、標的mRNA (mRNA(T)と称する)および、内部コントロールとしてpTREC上のネオマイシン耐性遺伝子に由来するmRNA (mRNA(C)と称する)を定量した。定量的PCRにはリアルタイムモニタリング装置ABI PRIZM7000(Applied Biosystems社製)を用い、mRNA(T)の定量には
20 プライマー対T (配列表配列番号2、3)、mRNA(C)の定量にはプライマー対C (配列表配列番号4、5)をそれぞれ使用した。

プライマー対T :

aggcaactggcgaggtgtc (配列番号2)

tgcgtcgaaaggcattaacccctcacta (配列番号3)

25 プライマー対C

atcaggatgatctggacgaag (配列番号4)

ctttcagcaatatcacgggt (配列番号5)

第26図および第27図に、PCRの結果を示す。第26図および第27図は、縦軸にそれぞれのPCR産物を、横軸にPCRのサイクル回数をとり、グラフに表したものである。ネオマイシン耐性遺伝子の場合、逆転写酵素によりcDNAを合成したもの (+RT) と、逆転写酵素を加えないコントロール (-RT) で、得られたPCR産物量の増幅の差は小さかった(第26図)。これは、cDNAのみならず、細胞内に残っているベクターもPCRの錆型となって増幅されたことを示す。他方、標的配列mRNAでは、逆転写酵素を添加した場合 (+RT) と添加しない場合 (-RT) による差が大きかった(第27図)。この結果は、プライマー対Tのうちの一方がインtronをはさむ形でデザインされているため、インtronが除去されたmRNAに由来するcDNAが効率的に増幅される一方、インtronを有する残存ベクターが錆型となりにくくなっていることを示している。

3. siRNAによる標的mRNAの発現抑制

(1) ターゲット発現ベクターへの評価配列のクローニング

ヒトビメンチン(VIM)遺伝子(RefSeqID: NM_003380)コード領域の812-834、35-57に相当する配列を評価の対象とした。これらの配列およびEcoRI、XhoIの認識配列を有する下記配列表配列番号6および7の合成オリゴヌクレオチド(評価配列フラグメント)を作製した。

評価配列VIM35 (VIMの35-57に相当)

5' -gaattcgcaggatgttcggcgccggcctcgag-3' (配列番号6)

評価配列VIM812 (VIMの812-834に相当)

5' -gaattcacgtacgtcagcaatatgaaagtctcgag-3' (配列番号7)

得られた評価配列フラグメントの両端にあるEcoRI、XhoIサイトを利用し、pTRECのEcoRI、XhoIサイト間に、新たな標的配列としてクローニングし、pTREC-VIM35、pTREC-VIM812を構築した。

(2) siRNAの作製

評価配列VIM35 (配列表配列番号8、第28図)、評価配列VIM812 (配列番号9、第29図)、及びコントロール配列(siControl、配列番号10

、第30図)にそれぞれ相当するsiRNAフラグメントを合成し、アニーリングした。下記siRNAの各配列においては、3'末端にオーバーハング部を設けてある。

siVIM35 5'-aggauguucggcgccggc-3' (配列番号8)

5 siVIM812 5'-guacgucagcaauaugaaagu-3' (配列番号9)

コントロールとして、ルシフェラーゼ遺伝子に対するsiRNAを用いた。

siControl 5'-cauucuaucgcuggaagaug-3' (配列番号10)

(3) 培養細胞へのトランスフェクション

24穴プレートの1穴あたりに0.2~0.3×10⁶cellsのHeLa細胞をまき、1日後にLipofectamine 2000 (Invitrogen社製)を用いて、マニュアルにしたがって0.5μgのpTREC-VIM35またはpTREC-VIM812と、それぞれのVIM由来配列に相当する100nMのsiRNA (siVIM35、siVIM812)を同時にトランスフェクトした。コントロール細胞には、0.5μgのpTREC-VIM35またはpTREC-VIM812と100nMのルシフェラーゼ遺伝子に対するsiRNA (siControl)を同時にトランスフェクトした。

(4) 細胞の回収およびmRNAの定量

トランスフェクションの1日後、細胞を回収し、Trizol (Invitrogen)を用いて全RNAを抽出した。このRNA 100ngを用いて、オリゴ(dT)をプライマーとし、SuperScript II RT (Invitrogen社製)により逆転写してcDNAを得た。得られたcDNAの320分の1量をPCRテンプレートとし、SYBR Green PCR Master Mix (Applied Biosystems社製)を用いて、50μlの反応系で定量的PCRを行い、評価しようとするVIM由来の配列を含むmRNA (mRNA (T)と称する)および内部コントロールとして、pTREC上のネオマイシン耐性遺伝子に由来するmRNA (mRNA (C)と称する)を定量した。

定量的PCRにはリアルタイムモニタリング装置 ABI PRIZM7000 (Applied Biosystems社製)を用い、mRNA (T)の定量にはプライマー対T (配列表配列番号2および3)、mRNA (C)の定量にはプライマー対C (配列表配列番

号4および5)をそれぞれ使用した。得られたそれぞれのmRNAの値の比(T/C)を縦軸(標的mRNA相対量(%))としてグラフに表した(第31図)。

コントロール細胞の場合、ルシフェラーゼ遺伝子に対するsiRNAは標的mRNAに効果を及ぼさないため、T/C比はほぼ1になった。VIM812 siRNAでは、T/C比が著しく下がった。これは、VIM812 siRNAが、相当する配列を有するmRNAを切断したためであり、VIM812 siRNAがRNAi効果を有することが示された。一方、VIM35 siRNAの場合、T/C比はコントロールとほぼ同じ値であったことから、VIM35の配列にはRNAi効果がほとんどないことが示された。

[実施例3]

1. siRNAによる内在性ビメンチンの発現抑制

(1) 培養細胞へのトランスフェクション

24穴プレートの1穴あたりに0.2~0.3×10⁶cellsのHeLa細胞をまき、1日後にLipofectamine 2000 (Invitrogen社製)を用いて、マニュアルにしたがって、VIMに対するsiRNA (siVIM35またはsiVIM812) またはコントロールsiRNA (siControl) 100nM、トランスフェクション効率のコントロールとして0.5μgのpEGFP (Clontech社製)を同時にトランスフェクトした。pEGFPはEGFPが組み込まれている。

(2) 内在性ビメンチンmRNAの測定

トランスフェクションの3日後、細胞を回収し、Trizol (Invitrogen社製)を用いて全RNAを抽出した。このRNA 100ngを用いて、オリゴ(dT)をプライマーとし、SuperScript II RT (Invitrogen社製)により逆転写してcDNA合成反応を行なった。得られたcDNA産物を鑄型として、ビメンチンに対するプライマーVIM-F3-84、VIM-R3-274 (配列番号11、12)を用いてPCRを行った。

VIM-F3-84 ; gagctacgtgactacgtcca (配列番号11)

VIM-R3-274 ; gttcttgaactcggttgtat (配列番号 1 2)

また、コントロールとして、 β -アクチンに対するプライマーACTB-F2-481、ACTB-R2-664（配列番号 1 3、1 4）を用いてPCRを行い、各サンプル間の β -アクチンの定量値を合わせたうえで、ビメンチンの発現量を評価した。

5 ACTB-F2-481 ; cacactgtgcccatctacga (配列番号 1 3)

ACTB-R2-664 ; gccatctcttgctcgaagtc (配列番号 1 4)

結果を第32図に示す。第32図では、si Control（すなわち、標的とは無関係な配列）を入れた場合を100%として比較し、VIMに対するsi RNAを入れた場合に、VIMのmRNAがどの程度減少したかを表している。

10 si VIM-812は効果的にVIM mRNAを抑制できたのに対して、si VIM-35を用いた場合はほとんどRNAi効果を示さなかった。

(3) 細胞の抗体染色

トランスフェクションの3日後、細胞を3.7%のホルムアルデヒドにより固定し、定法によりブロッキングを行った。その後、ウサギ抗ビメンチン抗体（ α -VIM）または内部コントロールとしてウサギ抗Yess抗体（ α -Yess）を加え、室温で反応させた。その後、細胞表面をPBS（Phosphate Buffered Saline；リン酸緩衝生理食塩水）で洗浄し、二次抗体として蛍光標識抗ウサギIgG抗体を加え、室温で反応させた。細胞表面をPBSで洗浄の後、蛍光顕微鏡による観察を行った。

20 蛍光顕微鏡観察の結果を第33図に示す。第33図中、9つの各枠内において白く現れている部分が蛍光部分である。EGFPおよびYessについては、何れの細胞でも同程度の発現が確認された。si Control、si VIM35を導入した細胞では、ビメンチンの抗体染色による蛍光が観察され、内在性ビメンチンの存在が確認された。一方、si VIM812を導入した細胞では、si Control、si VIM35を導入した細胞に比べて蛍光が著しく弱かった。この結果は、si VIM812により内在性のビメンチンmRNAが干渉を受けた結果、ビメンチンの蛋白質の発現量が減少したことを見ることであり、si V

IM812は内在性ビメンチンmRNAにもRNAi効果を有することが明らかになった。

本発明のアッセイ系で得られた結果〔実施例2〕は、実際に内在性遺伝子に対してそれぞれのsiRNAを用いた結果〔実施例3〕とよく一致していたため、
5 このアッセイ系は任意のsiRNAのRNAi活性を評価する方法として有効であることが示された。

〔実施例4〕

上記所定の規則(a)～(d)に基づき塩基配列を設計した。塩基配列の設計は、上記siRNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置によって行った。
10 塩基配列は、RNAi活性を有すると予測される配列15種(配列番号15～29)と、RNAi活性を有しないと予測される配列5種(配列番号30～34)を用意した。

設計された配列に基づき標的配列および評価対象のsiRNAを調製する以外は、上記実施例1と同様にして、ルシフェラーゼ活性を測定することにより、RNAi活性の評価を行った。結果を第34図に示す。ルシフェラーゼ相対活性値が低いものが効いている状態、すなわちRNAi活性を備えたsiRNAである。上記プログラムによりRNAi活性を有すると予測されたsiRNAは、全てルシフェラーゼの発現を効果的に抑制した。

〔RNAi活性を示した配列；規定配列部分、オーバーハング部を含まない〕

- 20 5, gacgccaaaaacataaaaga (配列番号15)
184, gttggcagaagctatgaaa (配列番号16)
272, gtgttggcgcgttattta (配列番号17)
309, ccgcgaacgacatttataa (配列番号18)
428, ccaatcatccaaaaattta (配列番号19)
25 515, cctcccggtttaatgaat (配列番号20)
658, gcatgccagagatctatt (配列番号21)
695, ccggatactgcgattttaa (配列番号22)
734, gttttggaatgttacta (配列番号23)

774, gatttcgagtcgtcttaat (配列番号 24)

891, gcactctgattgacaaata (配列番号 25)

904, caaatacgatttatcta (配列番号 26)

1186, gattatgtccggttatgt (配列番号 27)

5 1306, ccgcctgaagtctctgatt (配列番号 28)

1586, ctcgacgcaagaaaaatca (配列番号 29)

[RNAi活性を示さなかった配列；規定配列部分、オーバーハング部を含まない]

14, aacataaaagaaaggccccgg (配列番号 30)

10 265, tatgccggtgttggcg (配列番号 31)

295, agttgcagttgcgcggcgcg (配列番号 32)

411, acgtgcaaaaaaaaagctccc (配列番号 33)

1044, ttctgattacacccgaggg (配列番号 34)

[実施例 5]

15 SARS ウィルスに対する si RNA を設計し、それらの RNAi 活性を調べた。標的配列および評価対象の配列をそれぞれ変更する以外は、 RNAi 活性は上記実施例 2 と同様のアッセイを行うことにより評価した。

si RNA は、 SARS ウィルスのゲノムから、 3CL-PRO 、 RdRp 、 Spike glycoprotein 、 Small envelope E protein 、 Membrane glycoprotein M 、 Nucleocapsid protein 、 s2m motif の各所について、上記 si RNA 配列設計プログラムを用い所定の規則性に合致するものを設計した。

第 35 図アッセイの結果、規則性に合致するように設計した 11 個の si RNA は、それぞれ対応する si RNA の配列をターゲットとして組み込んだ RNA を効果的に抑制した。 si Control (SARS とは関係のない配列) を入れた場合を 100 % として、 SARS の各 si RNA を入れた場合の相対標的 mRNA 量を示す。各 si RNA を入れた場合、標的の RNA が 10 % 程度あるいはそれ以下まで減少しており、 RNAi 活性があることが確認された。

[設計した si RNA の配列 (規定配列部分、オーバーハング部を含まない)]

siControl ; gggcgccgtcgtaaagtt (配列番号 3 5)

3CL-PRO ; SARS-10754 ; ggaattgccgtcttagata (配列番号 3 6)

3CL-PRO ; SARS-10810 ; gaatggcgtactatcctt (配列番号 3 7)

RdRp ; SARS-14841 ; ccaagtaatcgtaacaat (配列番号 3 8)

5 Spike glycoprotein ; SARS-23341 ; gcttggcgcatatatattcta (配列番号 3 9)

Spike glycoprotein ; SARS-24375 ; ccttcgcgacttgataaa (配列番号 4 0)

Small envelope E protein ; SARS-26233 ; gtgcgtactgctgcaatat (配列番号 4 1)

)

Small envelope E protein ; SARS-26288 ; ctactcgcgtgtaaaaat (配列番号 4 2)

10)

Membrane glycoprotein M ; SARS-26399 ; gcagacaacggtactatta (配列番号 4 3)

Membrane glycoprotein M ; SARS-27024 ; ccggtagcaacgacaatat (配列番号 4 4)

Nucleocapsid protein ; SARS-28685 ; cgtagtcgcggtaattcaa (配列番号 4 5)

s2m motif ; SARS-29606 ; gatcgagggtacagtgaat (配列番号 4 6)

15 [実施例 6]

上記「< 5 > siRNA配列設計プログラム」および「< 7 > siRNA配列設計プログラムを実行する塩基配列処理装置等」に従って、下記 siRNAを設計した。設計された siRNAの配列を配列表の配列番号 4 7～配列番号 8 9 2 に示す。

20 (RNA i 対象遺伝子)

NM_000604, Homo sapiens fibroblast growth factor receptor 1 (fms-related tyrosine kinase 2, Pfeiffer syndrome) (FGFR1).

(標的配列)

NM_000604-807, gtagcaacgtggagttcat (配列番号 47)

25 NM_000604-806, ggttagcaacgtggagttca (配列番号 48)

NM_000604-811, caacgtggagttcatgtgt (配列番号 49)

NM_000604-880, ggtgaatgggagcaagatt (配列番号 50)

NM_000604-891, gcaagattggcccagacaa (配列番号 51)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000604-818, gagttcatgtgtaagggtgt (配列番号 52)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000141, Homo sapiens fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome) (FGFR2).

(標的配列)

NM_000141-612, gaggctacaaggtaacgaaa (配列番号 53)

10 NM_000141-615, gctacaaggtaacgaaacca (配列番号 54)

NM_000141-637, ctggagcctcattatggaa (配列番号 55)

NM_000141-574, gaaaaacgggaaggagttt (配列番号 56)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000141-595, gcaggagcatcgcatggaa (配列番号 57)

15 NM_000141-69, ctttcagtttagttgagga (配列番号 58)

NM_000141-70, cttcagtttagttgaggat (配列番号 59)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000142, Homo sapiens fibroblast growth factor receptor 3

(achondroplasia, thanatophoric dwarfism) (FGFR3).

20 (標的配列)

NM_000142-899, gacggcacaccctacgtta (配列番号 60)

NM_000142-1925, cacaacacctcgactactaca (配列番号 61)

NM_000142-2154, gcacacacgacacctgtacat (配列番号 62)

NM_000142-678, cctgcgtcgtggagaacaa (配列番号 63)

25 NM_000142-2157, cacacgacacctgtacatgt (配列番号 64)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000142-812, gagttccactgcaagggtgt (配列番号 65)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004448, Homo sapiens v-erb-b2 erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2, neuro/glioblastoma derived oncogene homolog (avian) (ERBB2).

(標的配列)

NM_004448-356, ggagacccgctgaacaata (配列番号 66)

5 NM_004448-3645, ccttcgacaacctctatta (配列番号 67)

NM_004448-3237, gggctggctccgatgtatt (配列番号 68)

NM_004448-3238, ggctggctccgatgtattt (配列番号 69)

NM_004448-3240, ctggctccgatgtattga (配列番号 70)

10 (RNAi 対象遺伝子)

NM_001982, Homo sapiens v-erb-b2 erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 3 (avian) (ERBB3).

(標的配列)

NM_001982-1347, gtgctggcgtatctatat (配列番号 71)

15 NM_001982-1349, gctggcgatcttatataa (配列番号 72)

NM_001982-1548, gcttgctgtcgaaattta (配列番号 73)

NM_001982-1549, cttgtcctgtcgaaatttat (配列番号 74)

NM_001982-2857, cattcgeccaacccttaaa (配列番号 75)

(RNAi 対象遺伝子)

20 NM_005235, Homo sapiens v-erb-a erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 4 (avian) (ERBB4).

(標的配列)

NM_005235-295, ggagaatttacgcattatt (配列番号 76)

NM_005235-2120, gctcaacttcgtatTTGA (配列番号 77)

25 NM_005235-2940, ctcaaagataccttagttat (配列番号 78)

NM_005235-2121, ctcaacttcgtatTTGAA (配列番号 79)

NM_005235-2880, ctgacagtagacctaatt (配列番号 80)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002227, Homo sapiens Janus kinase 1 (a protein tyrosine kinase) (JAK1).

(標的配列)

NM_002227-441, ctcagggacagtatgattt (配列番号 81)

5 NM_002227-1299, cagaatacgccatcaataa (配列番号 82)

NM_002227-673, gatgcggataaataatgtt (配列番号 83)

NM_002227-672, ggatgcggataaataatgt (配列番号 84)

NM_002227-3385, ctttcagaaccttattgaa (配列番号 85)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

10 NM_002227-607, cagctacaaggcgatatatt (配列番号 86)

NM_002227-3042, caattgaaaaccgataagga (配列番号 87)

NM_002227-2944, gggttctcggcaatacgtt (配列番号 88)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004972, Homo sapiens Janus kinase 2 (a protein tyrosine kinase)

15 (JAK2).

(標的配列)

NM_004972-2757, ctggtcggcgtaatctaaa (配列番号 89)

NM_004972-2759, ggtcggcgtaatctaaaaat (配列番号 90)

NM_004972-2760, gtcggcgtaatctaaaatt (配列番号 91)

20 NM_004972-3175, ggaatttatgcgtatgatt (配列番号 92)

NM_004972-1452, ctgttcgctcagacaatat (配列番号 93)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004972-872, ggaaacggtgaaattcagt (配列番号 94)

NM_004972-870, ctggaaacggtgaaattca (配列番号 95)

25 NM_004972-847, gattttgcaaccattata (配列番号 96)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000215, Homo sapiens Janus kinase 3 (a protein tyrosine kinase, leukocyte) (JAK3).

(標的配列)

NM_000215-2315, gtcattcgtgacctcaata (配列番号 97)

NM_000215-2522, gaccgcctagccacaata (配列番号 98)

NM_000215-2524, cccgctagcccacaataca (配列番号 99)

5 NM_000215-1788, ccatggtgcaggaattgt (配列番号 100)

NM_000215-1825, catgtatctgcgaaaacgt (配列番号 101)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003331, Homo sapiens tyrosine kinase 2 (TYK2).

(標的配列)

10 NM_003331-3213, gcctgaaggagtataagtt (配列番号 102)

NM_003331-2658, cggaccctacggtttcca (配列番号 103)

NM_003331-299, ctatattccgcataaggt (配列番号 104)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003331-2674, ccacaagcgctattgaaa (配列番号 105)

15 NM_003331-2675, cacaagcgctattgaaaa (配列番号 106)

NM_003331-328, gaactggcatggcataat (配列番号 107)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001079, Homo sapiens zeta-chain (TCR) associated protein kinase 70kDa (ZAP70).

20 (標的配列)

NM_001079-512, gaggccgagcgcaaacttt (配列番号 108)

NM_001079-1512, ggtacgcacccgaatgcat (配列番号 109)

NM_001079-242, gagctctgcgagttctact (配列番号 110)

NM_001079-929, gacacgagcgtgtatgaga (配列番号 111)

25 NM_001079-1412, cggcactacgccaagatca (配列番号 112)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001079-1566, ggagctatgggtcaccat (配列番号 113)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005417, Homo sapiens v-src sarcoma (Schmidt-Ruppin A-2) viral oncogene homolog (avian) (SRC).

(標的配列)

NM_005417-185, ctgttcggaggcttcaact (配列番号 114)

5 NM_005417-685, ggtggcctactactccaaa (配列番号 115)

NM_005417-474, gggagtcagagcggttact (配列番号 116)

NM_005417-480, cagagcggttactgctcaa (配列番号 117)

NM_005417-567, cagtgtctgacttcgaccaa (配列番号 118)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

10 NM_005417-651, cctcccgcacccagttcaa (配列番号 119)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002350, Homo sapiens v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral related oncogene homolog (LYN).

(標的配列)

15 NM_002350-610, cagcgacatgattaaacat (配列番号 120)

NM_002350-533, gttattaaggactacaaaa (配列番号 121)

NM_002350-606, gtatcagcgacatgattaa (配列番号 122)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002350-783, ggatgggttactataacaa (配列番号 123)

20 NM_002350-694, gaagccatggataaagat (配列番号 124)

NM_002350-541, gcactacaaaattagaagt (配列番号 125)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005157, Homo sapiens v-abl Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 1 (ABL1).

25 (標的配列)

NM_005157-232, cactctaaggataactaaa (配列番号 126)

NM_005157-770, gagggcggtgtggaagaaat (配列番号 127)

NM_005157-262, ccgggtcttaggtataat (配列番号 128)

NM_005157-264, gggtcttaggctataatca (配列番号 129)

NM_005157-484, catctcgctgagatacga (配列番号 130)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_005157-217, ggccagtggagataacact (配列番号 131)

5 NM_005157-1227, gcctggctacaacaagg (配列番号 132)

NM_005157-680, gtgtcccccaactacgaca (配列番号 133)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005158, Homo sapiens v-abl Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 2 (arg, Abelson-related gene) (ABL2).

10 (標的配列)

NM_005158-3273, ctc当地actcgcaacaaatt (配列番号 134)

NM_005158-3272, cct当地aaactcgcaacaaat (配列番号 135)

NM_005158-1425, ctaaggtttatgaacttat (配列番号 136)

NM_005158-448, gctcagcagtctaataat (配列番号 137)

15 NM_005158-3110, caggccgctgagaaaatct (配列番号 138)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004071, Homo sapiens CDC-like kinase 1 (CLK1).

(標的配列)

NM_004071-1215, ccagggaaacgtaaatattt (配列番号 139)

20 NM_004071-774, catttcgactggatcatat (配列番号 140)

NM_004071-1216, cagggaaacgtaaatatttt (配列番号 141)

NM_004071-973, ctttggttagtgcaacatat (配列番号 142)

NM_004071-463, cgtactaagtgcagat (配列番号 143)

(RNAi 対象遺伝子)

25 NM_001291, Homo sapiens CDC-like kinase 2 (CLK2).

(標的配列)

NM_001291-202, gtatgaccggcgatactgt (配列番号 144)

NM_001291-225, gctacagacgcaacgatta (配列番号 145)

NM_001291-226, ctacagacgcaacgattat (配列番号 146)

NM_001291-45, ggagttaccgtgaacacta (配列番号 147)

NM_001291-46, gagttaccgtgaacactat (配列番号 148)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_001292, Homo sapiens CDC-like kinase 3 (CLK3).

(標的配列)

NM_001292-189, gccgtgacagcgatacata (配列番号 149)

NM_001292-72, cctacagtcggaaacatga (配列番号 150)

NM_001292-73, ctacagtcggaaacatgaa (配列番号 151)

10 NM_001292-188, cgccgtgacagcgatacat (配列番号 152)

NM_001292-121, gcctcccccacgaagatct (配列番号 153)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001292-388, ggtgaaggcaccttggca (配列番号 154)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_020666, Homo sapiens CDC-like kinase 4 (CLK4).

(標的配列)

NM_020666-617, gtattagagcacttaata (配列番号 155)

NM_020666-1212, gaaaacgcagaattttca (配列番号 156)

NM_020666-1348, cctggttcgaagaatgtta (配列番号 157)

20 NM_020666-181, cttgaatgagcgagattat (配列番号 158)

NM_020666-803, cagatctgccagtcataaa (配列番号 159)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_020666-457, cgttctaagagcaagatat (配列番号 160)

NM_020666-446, caaagtggagacgttctaa (配列番号 161)

25 NM_020666-461, ctaagagcaagatatgaaa (配列番号 162)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002093, Homo sapiens glycogen synthase kinase 3 beta (GSK3B).

(標的配列)

NM_002093-326, gtccgattgcgttatttct (配列番号 163)

NM_002093-307, gctagatcaactgtaacata (配列番号 164)

NM_002093-451, gacgctccctgtgatttat (配列番号 165)

NM_002093-632, cccaatgttcgtatatct (配列番号 166)

5 NM_002093-623, cgaggagaacctaatgttt (配列番号 167)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002093-206, gtatatcaagccaaacttt (配列番号 168)

NM_002093-195, catttggtgtggtatata (配列番号 169)

NM_002093-205, ggtatatcaagccaaactt (配列番号 170)

10 (RNAi 対象遺伝子)

NM_182691, Homo sapiens SFRS protein kinase 2 (SRPK2).

(標的配列)

NM_182691-1312, gccaaatggacgacataaa (配列番号 171)

NM_182691-1313, ccaaattggacgacataaaa (配列番号 172)

15 NM_182691-1314, caaatggacgacataaaaat (配列番号 173)

NM_182691-1985, ctgateccgatgttagaaa (配列番号 174)

NM_182691-233, ggccggtatcatgttatta (配列番号 175)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005430, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family,

20 member 1 (WNT1).

(標的配列)

NM_005430-614, ggccgtacgaccgtattct (配列番号 176)

NM_005430-205, gcgtctgatacgccaaaaat (配列番号 177)

NM_005430-855, cccacgacctcgctactt (配列番号 178)

25 NM_005430-196, caaacagcggcgtctgata (配列番号 179)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_005430-875, gagaaatcgcccaacttct (配列番号 180)

NM_005430-863, ctcgtctacttcgagaaat (配列番号 181)

NM_005430-860, gacctcgctacttcgaga (配列番号 182)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003391, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family member 2 (WNT2).

5 (標的配列)

NM_003391-111, gggtgatgtgcgataatgt (配列番号 183)

NM_003391-681, ggaaaacgggcgattatct (配列番号 184)

NM_003391-764, gctaacgagaggtttaaga (配列番号 185)

NM_003391-765, ctaacgagaggtttaagaa (配列番号 186)

10 NM_003391-295, ggtcctactccgaagttagt (配列番号 187)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003391-797, gacctcgatattttgaga (配列番号 188)

NM_003391-790, gaaaaatgacctcgat (配列番号 189)

NM_003391-789, cgaaaaatgacctcgat (配列番号 190)

15 (RNAi 対象遺伝子)

NM_004625, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 7A (WNT7A).

(標的配列)

NM_004625-92, ctggcgcaagcatcatct (配列番号 191)

20 NM_004625-313, gttcacctaagccatcatt (配列番号 192)

NM_004625-524, gcccgactctcatgaact (配列番号 193)

NM_004625-480, gttcgccaaggctttgt (配列番号 194)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004625-205, cctggacgagtgtcagttt (配列番号 195)

25 NM_004625-209, gacgagtgtcagttcagt (配列番号 196)

NM_004625-172, catcatcgataggagaa (配列番号 197)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004626, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 11 (WNT11).

(標的配列)

NM_004626-543, gatcccaaggccaataaact (配列番号 198)

5 NM_004626-917, gacagctgcgacaccttatgt (配列番号 199)

NM_004626-915, gcgacagctgcgacaccttat (配列番号 200)

NM_004626-54, cggcggtgtgctatggcat (配列番号 201)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004626-59, gtgtgctatggcatcaagt (配列番号 202)

10 NM_004626-560, ctgatgcgtctacacaaca (配列番号 203)

NM_004626-562, gatgcgtctacacaacagt (配列番号 204)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_030753, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 3 (WNT3).

15 (標的配列)

NM_030753-417, gctgtgactcgcatcataa (配列番号 205)

NM_030753-483, ctgacttcggcgtgttagt (配列番号 206)

NM_030753-485, gacttcggcgtgttagtgt (配列番号 207)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

20 NM_030753-887, gaccggacttgcaatgtca (配列番号 208)

NM_030753-56, ctcgctggctacccaattt (配列番号 209)

NM_030753-59, gctggctacccaatttggt (配列番号 210)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_033131, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 3A (WNT3A).

(標的配列)

NM_033131-2, gccccactcggtacttct (配列番号 211)

NM_033131-3, cccccactcggtacttctt (配列番号 212)

NM_033131-4, cccactcgatacttctta (配列番号 213)

NM_033131-77, gctgttggccacagtatt (配列番号 214)

NM_033131-821, gaggcctcgcccaacttct (配列番号 215)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

5 NM_033131-168, ggaactacgtggagatcat (配列番号 216)

NM_033131-50, ggcagctacccgatctggt (配列番号 217)

NM_033131-165, gcaggaactacgtggagat (配列番号 218)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003392, Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family,

10 member 5A (WNT5A).

(標的配列)

NM_003392-91, gtggtcgctaggtatgaat (配列番号 219)

NM_003392-93, ggtcgcttaggtatgaataa (配列番号 220)

NM_003392-307, ggataaacacctctgttttt (配列番号 221)

15 NM_003392-57, ctttcgcccaggtttaat (配列番号 222)

NM_003392-87, cttggtggtcgctaggtat (配列番号 223)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003392-163, ccaactggcaggactttct (配列番号 224)

NM_003392-116, gttcagatgtcagaagtt (配列番号 225)

20 NM_003392-102, gtatgaataaccctgttca (配列番号 226)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004196, Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 1 (CDC2-related

kinase) (CDKL1).

(標的配列)

25 NM_004196-405, cgaaacattccgtattaa (配列番号 227)

NM_004196-305, ctcgtgaagagcataactt (配列番号 228)

NM_004196-458, ggaccgagtgactactata (配列番号 229)

NM_004196-844, gttgcatcacccatatttt (配列番号 230)

NM_004196-330, cactgcaagctgttaaattt (配列番号 231)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004196-119, gatgaccctgtcataaaga (配列番号 232)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_003948, Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 2 (CDC2-related kinase) (CDKL2).

(標的配列)

NM_003948-623, gatcagctatatcatatta (配列番号 233)

NM_003948-1379, ccatcaggcattataaca (配列番号 234)

10 NM_003948-1380, catcaggcattataacat (配列番号 235)

NM_003948-768, ctgaagtggtgatagattt (配列番号 236)

NM_003948-626, cagctatatcatatttatga (配列番号 237)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003948-325, gattattaatggaattgga (配列番号 238)

15 NM_003948-1012, ggtacaggataccaatgct (配列番号 239)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_016508, Homo sapiens cyclin-dependent kinase-like 3 (CDKL3).

(標的配列)

NM_016508-498, gagctcccgaatttagtatt (配列番号 240)

20 NM_016508-500, gctcccgaaattgtattaa (配列番号 241)

NM_016508-1290, cacccatcaatctaactaa (配列番号 242)

NM_016508-1301, ctaactaacagtaatttga (配列番号 243)

NM_016508-501, ctcccgaaattgtattaaa (配列番号 244)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

25 NM_016508-785, gttcatgcttgttacaaa (配列番号 245)

NM_016508-555, ctttgggtgtatgatcat (配列番号 246)

NM_016508-776, gcagatatagttcatgctt (配列番号 247)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002745, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 1 (MAPK1).

(標的配列)

NM_002745-746, gaagacctgaattgtataa (配列番号 248)

NM_002745-276, caaccatcgagcaaatgaa (配列番号 249)

5 NM_002745-849, ccaaagctctggacttatt (配列番号 250)

NM_002745-749, gacctgaattgtataataa (配列番号 251)

NM_002745-113, gtgtgctctgcitattgata (配列番号 252)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002745-220, cttactgcgcgttcagacat (配列番号 253)

10 NM_002745-228, gcttcagacatgagaacat (配列番号 254)

NM_002745-224, ctgcgcgttcagacatgaga (配列番号 255)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_016231, Homo sapiens nemo-like kinase (NLK).

(標的配列)

15 NM_016231-450, gagtagcgctcaaaaagat (配列番号 256)

NM_016231-1074, gcgctaaggcacatatact (配列番号 257)

NM_016231-962, ctactaggacgaagaatat (配列番号 258)

NM_016231-579, ctccacacattgactattt (配列番号 259)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

20 NM_016231-703, gattttgcgagggttgaaa (配列番号 260)

NM_016231-1382, gtccgacaggttaaagaaaa (配列番号 261)

NM_016231-1384, ccgacaggttaaagaaaatt (配列番号 262)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001315, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 14 (MAPK14).

25 (標的配列)

NM_001315-401, ctccgagggtctaaagtata (配列番号 263)

NM_001315-403, ccgagggtctaaagtatata (配列番号 264)

NM_001315-251, ggtctgtggacgtttta (配列番号 265)

NM_001315-212, ctgcggttacttaaacata (配列番号 266)

NM_001315-405, gaggtctaaagtatataca (配列番号 267)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001315-664, gtttcctggcacagaccat (配列番号 268)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002751, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 11 (MAPK11).

(標的配列)

NM_002751-366, gcgacgaggcacgtcaatt (配列番号 269)

NM_002751-667, cccgggaaggcgactacatt (配列番号 270)

10 NM_002751-669, cgggaagcgactacattga (配列番号 271)

NM_002751-731, gaggttctggcaaaaatct (配列番号 272)

NM_002751-729, ctgaggttctggcaaaaat (配列番号 273)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002969, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 12 (MAPK12).

15 (標的配列)

NM_002969-1018, gaagcgtgttacttacaaa (配列番号 274)

NM_002969-262, gctgctggacgtattcact (配列番号 275)

NM_002969-1017, ggaagcgtgttacttacaa (配列番号 276)

NM_002969-578, cccgaggtcatcttgatt (配列番号 277)

20 NM_002969-1013, gaatggaagcgttactt (配列番号 278)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002754, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 13 (MAPK13).

(標的配列)

NM_002754-164, ctgagccgacccttcagt (配列番号 279)

25 NM_002754-174, cctttcagtccgagatctt (配列番号 280)

NM_002754-978, ccttagaacacgagaaaact (配列番号 281)

NM_002754-285, ccctgcgcacttctatga (配列番号 282)

NM_002754-287, ctgcgcacttctatgact (配列番号 283)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_139049, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 8 (MAPK8).

(標的配列)

NM_139049-449, gacttaagcccagtaata (配列番号 284)

5 NM_139049-213, gagagctagttcttatgaa (配列番号 285)

NM_139049-451, cttaaagcccagtaatata (配列番号 286)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_139049-525, caggaacgagtttatgat (配列番号 287)

NM_139049-524, gcaggaacgagtttatga (配列番号 288)

10 NM_139049-283, gaaatccctagaagaattt (配列番号 289)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002752, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 9 (MAPK9).

(標的配列)

NM_002752-116, gtttgtgctgcatttgata (配列番号 290)

15 NM_002752-204, gagcttatcgtgaacttgt (配列番号 291)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002752-878, gccagagatctgttatcaa (配列番号 292)

NM_002752-879, ccagagatctgttatcaaa (配列番号 293)

NM_002752-880, cagagatctgttatcaaaa (配列番号 294)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002753, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase 10 (MAPK10).

(標的配列)

NM_002753-668, gtggtgacacgttattaca (配列番号 295)

NM_002753-957, cggactccgagcacaataa (配列番号 296)

25 NM_002753-958, ggactccgagcacaataaa (配列番号 297)

NM_002753-811, gtggaataaggtaattgaa (配列番号 298)

NM_002753-1212, ctaaaaatggtagtaaa (配列番号 299)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002753-1167, ggaaagaacttatctacaa (配列番号 300)

NM_002753-584, gtagtcaagtctgattgca (配列番号 301)

NM_002753-761, gaaatggttcgccacaaaa (配列番号 302)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_001786, Homo sapiens cell division cycle 2, G1 to S and G2 to M
(CDC2).

(標的配列)

NM_001786-782, gatttgctctcgaaaatgt (配列番号 303)

NM_001786-788, ctctcgaaaatgttaatct (配列番号 304)

10 NM_001786-658, gggcactcccaataatgaa (配列番号 305)

NM_001786-696, ctttacaggactataagaa (配列番号 306)

NM_001786-562, gagtataggcaccatattt (配列番号 307)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001786-869, gacaatcagattaagaaga (配列番号 308)

15 (RNAi 対象遺伝子)

NM_001798, Homo sapiens cyclin-dependent kinase 2 (CDK2).

(標的配列)

NM_001798-224, ctctacacctggttttgaat (配列番号 309)

NM_001798-690, cttctatgcctgattacaa (配列番号 310)

20 NM_001798-770, gatggacggagcttgttat (配列番号 311)

NM_001798-226, ctacacctggttttgaattt (配列番号 312)

NM_001798-36, gcacgtacggagttgtgta (配列番号 313)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000075, Homo sapiens cyclin-dependent kinase 4 (CDK4).

25 (標的配列)

NM_000075-45, cctatggacagtgtacaa (配列番号 314)

NM_000075-616, gatgttcgtcgaaagcct (配列番号 315)

NM_000075-161, cgtgaggtggcttactga (配列番号 316)

NM_000075-35, ggtgtcggtgcctatggga (配列番号 317)

NM_000075-242, cgaactgaccggagatca (配列番号 318)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_052984, Homo sapiens cyclin-dependent kinase 4 (CDK4), transcript

5 variant 2, mRNA., 228..563, 0

(標的配列)

NM_052984-248, gaccggagatcaagagat (配列番号 319)

NM_052984-251, cgggagatcaagagatgtt (配列番号 320)

(RNAi 対象遺伝子)

10 NM_001799, Homo sapiens cyclin-dependent kinase 7 (M015 homolog, Xenopus laevis, cdk-activating kinase) (CDK7).

(標的配列)

NM_001799-242, ggacataaatctaattatta (配列番号 321)

NM_001799-104, caaattgtcgccattaaga (配列番号 322)

15 NM_001799-490, ccccaatagagcttataca (配列番号 323)

NM_001799-20, cgggcaaaggcgttatgaga (配列番号 324)

NM_001799-21, gggcaaaggcgttatgagaa (配列番号 325)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001799-345, cctacatgttgatgactct (配列番号 326)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_000455, Homo sapiens serine/threonine kinase 11 (Peutz-Jeghers syndrome) (STK11).

(標的配列)

NM_000455-306, ggaggttacggcacaaaaaa (配列番号 327)

25 NM_000455-307, gaggttacggcacaaaaat (配列番号 328)

NM_000455-309, ggtaacggcacaaaaatgt (配列番号 329)

NM_000455-1157, cccaaggccgtgttatga (配列番号 330)

NM_000455-1158, ccaaggccgtgttatgaa (配列番号 331)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000455-916, cagctggttccggaagaaa (配列番号 332)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001274, Homo sapiens CHK1 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK1).

5 (標的配列)

NM_001274-456, cagtatttcggataataa (配列番号 333)

NM_001274-361, gcatggtattgaaataact (配列番号 334)

NM_001274-990, gcccctcatacattgataa (配列番号 335)

NM_001274-1038, ccacatgtcctgatcatat (配列番号 336)

10 NM_001274-227, ggcaatatccaatatttat (配列番号 337)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001274-573, ggtcctgtggaatagtact (配列番号 338)

NM_001274-416, gaaaggataaccta (配列番号 339)

NM_001274-577, ctgtggaatagtacttact (配列番号 340)

15 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002648, Homo sapiens pim-1 oncogene (PIM1).

(標的配列)

NM_002648-831, ggccaaccttcgaagaaat (配列番号 341)

NM_002648-601, cgatgggaccgcgttat (配列番号 342)

20 NM_002648-602, gatgggaccgcgttat (配列番号 343)

NM_002648-293, ggtttctccggcgtcatta (配列番号 344)

NM_002648-834, caaccttcgaagaaatcca (配列番号 345)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002648-96, ccctggagtgcgcgtacca (配列番号 346)

25 NM_002648-203, gtggagaaggaccggattt (配列番号 347)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_006875, Homo sapiens pim-2 oncogene (PIM2).

(標的配列)

- NM_006875-698, ggggacattcccttgaga (配列番号 348)
NM_006875-242, ctcgaagtgcactgctat (配列番号 349)
NM_006875-245, gaagtcgcactgctatgga (配列番号 350)
NM_006875-499, gaacatcctgatagaccta (配列番号 351)
- 5 NM_006875-468, gtggagttgtccatcgta (配列番号 352)
(RNAi 対象遺伝子)
- NM_021643, Homo sapiens tribbles homolog 2 (TRB2).
(標的配列)
- NM_021643-174, cttgtatcgaaatactt (配列番号 353)
- 10 NM_021643-71, gaagagttgtcgctataa (配列番号 354)
- NM_021643-177, gatatcgaaatacttatt (配列番号 355)
NM_021643-524, ctcaagctcgaaattca (配列番号 356)
(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)
- 15 NM_021643-41, gggagatcgcgaaacaaaa (配列番号 357)
NM_021643-382, gttcttgagcgaagctat (配列番号 358)
NM_021643-143, cccgagactccgaacttgt (配列番号 359)
- (RNAi 対象遺伝子)
- 20 NM_007118, Homo sapiens triple functional domain (PTPRF interacting)
(TRIO).
(標的配列)
- NM_007118-1684, caccaatgcggataaatta (配列番号 360)
NM_007118-1686, ccaatgcggataaattact (配列番号 361)
- 25 NM_007118-3857, gaaatctacgaatttcata (配列番号 362)
NM_007118-6395, gagcagatcgcatattca (配列番号 363)
NM_007118-8531, cctatccgttagcattaaaa (配列番号 364)
- (RNAi 対象遺伝子)

NM_004938, Homo sapiens death-associated protein kinase 1 (DAPK1).

(標的配列)

NM_004938-917, caatccgttcgcttgatat (配列番号 365)

NM_004938-1701, ggtgtttcgatcgattatca (配列番号 366)

5 NM_004938-1702, gtgtttcgatcgattatcaa (配列番号 367)

NM_004938-2824, gaaggtaacttgcgaaatcat (配列番号 368)

NM_004938-668, gaaacgttagcaaatgtat (配列番号 369)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004938-609, gggtaataaacctataatcct (配列番号 370)

10 NM_004938-2697, gagggcgagttggatatga (配列番号 371)

NM_004938-490, ggcccataaaaattgacttt (配列番号 372)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_006252, Homo sapiens protein kinase, AMP-activated, alpha 2 catalytic subunit (PRKAA2).

15 (標的配列)

NM_006252-760, gaaacgagcaactatcaaa (配列番号 373)

NM_006252-148, gaagattcgcagtttagat (配列番号 374)

NM_006252-1227, gcaaaccgtatgacattat (配列番号 375)

NM_006252-1338, ctggcaattacgtgaaaaat (配列番号 376)

20 NM_006252-1340, ggcaattacgtgaaaaatga (配列番号 377)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002742, Homo sapiens protein kinase C, mu (PRKCM).

(標的配列)

NM_002742-508, ggtacgtcaaggctttaaa (配列番号 378)

25 NM_002742-1332, gattggatagcaaatgtat (配列番号 379)

NM_002742-509, gtacgtcaaggctttaaaat (配列番号 380)

NM_002742-370, ggaaggcgatcttattgaa (配列番号 381)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002742-1913, caccctggtgtttaatt (配列番号 382)

NM_002742-2041, cataacgaagtttttaatt (配列番号 383)

NM_002742-2521, ctatcagacctggtagat (配列番号 384)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_003684, Homo sapiens MAP kinase-interacting serine/threonine kinase 1
(MKNK1).

(標的配列)

NM_003684-218, gagtatgccgtcaaaatca (配列番号 385)

NM_003684-229, caaaaatcatcgagaaacaa (配列番号 386)

10 NM_003684-344, gatgacacaaggtttact (配列番号 387)

NM_003684-192, gtgccgtgagcctacagaa (配列番号 388)

NM_003684-379, gcaaggaggttccatctta (配列番号 389)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_004759, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase-activated
protein kinase 2 (MAPKAPK2).

(標的配列)

NM_004759-942, ccatcaccgagtttatgaa (配列番号 390)

NM_004759-836, cgaatgggccagtatgaat (配列番号 391)

NM_004759-563, cctgagaatctttataca (配列番号 392)

20 NM_004759-669, gttatacacccgtactatgt (配列番号 393)

NM_004759-362, gatgtgtacgagaatctgt (配列番号 394)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_172171, Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM
kinase) II gamma (CAMK2G).

(標的配列)

NM_172171-113, gagtacgcagcaaaaatca (配列番号 395)

NM_172171-422, ctgctgctggcgagtaat (配列番号 396)

NM_172171-1075, ggtacacaacgctacagat (配列番号 397)

NM_172171-474, gcctagccatcgaagtaca (配列番号 398)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_172171-425, ctgctggcgagtaatgca (配列番号 399)

5 NM_172171-260, ctcgttgcacccgttgc (配列番号 400)

NM_172171-597, gcggggtcattcctgtat (配列番号 401)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_015981, Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II alpha (CAMK2A).

10 (標的配列)

NM_015981-1213, ccatcgattctatttgaa (配列番号 402)

NM_015981-1210, cttccatcgattctat (配列番号 403)

NM_015981-1067, cgaaaaacagggaaattataa (配列番号 404)

NM_015981-1066, gcggaaaacaggaaattata (配列番号 405)

15 NM_015981-754, gaccattaacccatccaaa (配列番号 406)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_015981-1130, gagtcctacacgaaagatgt (配列番号 407)

NM_015981-1416, ggcagatcgtccacttcca (配列番号 408)

NM_015981-1418, cagatcgtccacttccaca (配列番号 409)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_020439, Homo sapiens calcium/calmodulin-dependent protein kinase IG (CAMK1G).

(標的配列)

NM_020439-1354, ggtcatggtaccagttaaa (配列番号 410)

25 NM_020439-1409, ggagtctgtctcattatgt (配列番号 411)

NM_020439-639, gtggataccccccattcta (配列番号 412)

NM_020439-823, ctggattgacggaaacaca (配列番号 413)

NM_020439-662, gaaacggagtctaagcttt (配列番号 414)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_020439-85, gggatcaggagcttctca (配列番号 415)

NM_020439-903, gcaagtggaggcaaggcctt (配列番号 416)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_007194, Homo sapiens CHK2 checkpoint homolog (S. pombe) (CHEK2).
(標的配列)

NM_007194-460, ctcttacattgcatacata (配列番号 417)

NM_007194-201, ctcaggaactctattctat (配列番号 418)

NM_007194-1233, gtttaggagttattcttt (配列番号 419)

10 NM_007194-398, gataaaataccgaacataca (配列番号 420)
NM_007194-396, cagataaaataccgaacata (配列番号 421)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_007194-614, gtagatgatcagtcagtt (配列番号 422)

NM_007194-620, gatcagtcagtttatccta (配列番号 423)

15 NM_007194-612, ctgttagatgatcagtcagt (配列番号 424)
(RNAi 対象遺伝子)

NM_002610, Homo sapiens pyruvate dehydrogenase kinase, isoenzyme 1
(PDK1).

(標的配列)

20 NM_002610-1194, gactcccagtgtataacaa (配列番号 425)

NM_002610-553, catgagtcgcatttcaatt (配列番号 426)

NM_002610-306, ggacaccatccgttcaatt (配列番号 427)

NM_002610-1086, gtcttacgcacaatactt (配列番号 428)

NM_002610-388, ggatgctaaagctatttat (配列番号 429)

25 (RNAi 対象遺伝子)

NM_001619, Homo sapiens adrenergic, beta, receptor kinase 1 (ADRBK1).
(標的配列)

NM_001619-474, gggacgtgttccagaaatt (配列番号 430)

NM_001619-317, gagatttcgactcataca (配列番号 431)

NM_001619-665, gacaaaaagcgcatcaaga (配列番号 432)

NM_001619-439, gccatacatcgaagagatt (配列番号 433)

NM_001619-476, gacgtttccagaaaattca (配列番号 434)

5 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001619-1476, caaaaggaatcaagttact (配列番号 435)

NM_001619-1474, cacaaaaggaatcaagtta (配列番号 436)

NM_001619-1171, ccggcagcacaagacaaa (配列番号 437)

(RNAi 対象遺伝子)

10 NM_005160, Homo sapiens adrenergic, beta, receptor kinase 2 (ADRBK2).
(標的配列)

NM_005160-1779, gagagtccggcaaaattt (配列番号 438)

NM_005160-1778, ggagagtccggcaaaatt (配列番号 439)

NM_005160-1373, cagcatgtctacttacaaa (配列番号 440)

15 NM_005160-307, cagaagtgcacaaatttat (配列番号 441)

NM_005160-306, gcagaagtgcacaaattta (配列番号 442)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003161, Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 70kDa, polypeptide 1
(RPS6KB1).

20 (標的配列)

NM_003161-1294, ccgatcacctcgaagattt (配列番号 443)

NM_003161-1556, cacctgcgtatgaatctat (配列番号 444)

NM_003161-1296, gatcacctcgaagatttt (配列番号 445)

NM_003161-831, gtttggagcattaatgta (配列番号 446)

25 NM_003161-1295, cgatcacctcgaagattta (配列番号 447)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_014496, Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 6
(RPS6KA6).

(標的配列)

NM_014496-682, gaaggcttactcatttgt (配列番号 448)

NM_014496-1552, ggaggctagtgatatacta (配列番号 449)

NM_014496-1553, gaggttagtgatatactat (配列番号 450)

5 NM_014496-1551, gggaggctagtgatatact (配列番号 451)

NM_014496-1481, cttgttacggatttaatga (配列番号 452)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_014496-831, gaaatgagaccatgaatat (配列番号 453)

10 NM_014496-1411, gatgcgctatggacaacat (配列番号 454)

NM_014496-927, ggaatccagcaaatagatt (配列番号 455)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002953, Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 1 (RPS6KA1).

15 (標的配列)

NM_002953-739, ctaggggtgttatgttt (配列番号 456)

NM_002953-1331, gctgtcaaggtcattgata (配列番号 457)

NM_002953-1332, ctgtcaaggtcattgataa (配列番号 458)

NM_002953-735, ggtcctatgggtgttcat (配列番号 459)

20 NM_002953-738, cctatgggtgttatgttt (配列番号 460)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002953-666, gcgggacagtggagtacat (配列番号 461)

NM_002953-832, gctaggcatccccagttt (配列番号 462)

NM_002953-1315, caccaacatggagttatgct (配列番号 463)

25 (RNAi 対象遺伝子)

NM_001626, Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 2 (AKT2).

(標的配列)

NM_001626-141, ctctacccccccttaaaca (配列番号 464)

NM_001626-35, cacaaggcgtggtaataca (配列番号 465)

NM_001626-143, ctacccccccttaaacaact (配列番号 466)

NM_001626-41, cgtggtaatacatcaaga (配列番号 467)

5 NM_001626-420, gcaaggcacggctaaagt (配列番号 468)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005163, Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 1
(AKT1).

(標的配列)

10 NM_005163-1294, gactgacaccaggatttt (配列番号 469)

NM_005163-1296, ctgacaccaggattttga (配列番号 470)

NM_005163-1292, gagactgacaccaggatt (配列番号 471)

NM_005163-751, cttctatggcgctgagatt (配列番号 472)

NM_005163-630, cagccctgaagtactctt (配列番号 473)

15 (RNAi 対象遺伝子)

NM_005465, Homo sapiens v-akt murine thymoma viral oncogene homolog 3
(protein kinase B, gamma) (AKT3).

(標的配列)

NM_005465-229, ccagtggactactgttata (配列番号 474)

20 NM_005465-99, cattcataggatataaaga (配列番号 475)

NM_005465-402, cctctacaacccatcataa (配列番号 476)

NM_005465-1283, gagacagatactagatatt (配列番号 477)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_005465-733, ggaccgcacacgtttctat (配列番号 478)

25 NM_005465-1317, cagctcagactattacaat (配列番号 479)

NM_005465-1319, gctcagactattacaataa (配列番号 480)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005627, Homo sapiens serum/glucocorticoid regulated kinase (SGK).

(標的配列)

NM_005627-875, ggcctgccgccttttata (配列番号 481)

NM_005627-97, gggctctgaacgactttatt (配列番号 482)

NM_005627-99, gtctgaacgactttattca (配列番号 483)

5 NM_005627-190, ggagcctgagcttatgaat (配列番号 484)

NM_005627-413, gaggagaagcatattatgt (配列番号 485)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_005627-649, catcgtttatagagactta (配列番号 486)

NM_005627-367, ctatgcagtcaaagtttta (配列番号 487)

10 NM_005627-307, gatcgaaagggcagttt (配列番号 488)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_170693, Homo sapiens serum/glucocorticoid regulated kinase 2 (SGK2).

(標的配列)

NM_170693-163, gtctgatgggcgttctat (配列番号 489)

15 NM_170693-840, cagacttcttgagattaa (配列番号 490)

NM_170693-842, gacttcttgagattaaga (配列番号 491)

NM_170693-582, gtggtaccctgagttactt (配列番号 492)

NM_170693-183, cagtgaaggtaactacagaa (配列番号 493)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

20 NM_170693-287, gtggccctgcgtactcct (配列番号 494)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_013257, Homo sapiens serum/glucocorticoid regulated kinase-like

(SGKL).

(標的配列)

25 NM_013257-273, caggactaaacgaattcat (配列番号 495)

NM_013257-944, gacaccactaccacatttt (配列番号 496)

NM_013257-1388, gatatctgactattcta (配列番号 497)

NM_013257-946, caccactaccacattttgt (配列番号 498)

NM_013257-790, gtttacgctgctgaaatt (配列番号 499)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_013257-693, caactgaaaagctttat (配列番号 500)

NM_013257-225, gaatatttggtgataat (配列番号 501)

5 NM_013257-38, ccaagtgttaaggcattccca (配列番号 502)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002744, Homo sapiens protein kinase C, zeta (PRKCZ).

(標的配列)

NM_002744-1233, gcggAACCCGAAATTACAT (配列番号 503)

10 NM_002744-398, caagccaaggcgcttaaca (配列番号 504)

NM_002744-1447, caaAGCCTCCATGTTTA (配列番号 505)

NM_002744-823, ccaaatttacGCCATgaaa (配列番号 506)

NM_002744-1100, cacgagaggggatcatct (配列番号 507)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_006254, Homo sapiens protein kinase C, delta (PRKCD).

(標的配列)

NM_006254-1524, gcggcacccctgactatat (配列番号 508)

NM_006254-1339, ctaccgtgccacgtttat (配列番号 509)

NM_006254-992, gggacctaCGCAAGATCT (配列番号 510)

20 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_006254-172, gttcgacgcccacatctat (配列番号 511)

NM_006254-659, cagaAAAGAACGCTTCAACA (配列番号 512)

NM_006254-761, gtgaaggcaggattaaagt (配列番号 513)

(RNAi 対象遺伝子)

25 NM_002737, Homo sapiens protein kinase C, alpha (PRKCA).

(標的配列)

NM_002737-1571, ggCGTCCTGTTATGAAA (配列番号 514)

NM_002737-393, gtgacacctgcgatATGAA (配列番号 515)

- NM_002737-711, gacgactgtctgttagaaat (配列番号 516)
NM_002737-1085, gaactgttatgcaatcaaaa (配列番号 517)
NM_002737-1924, gctggttattgctaacata (配列番号 518)
(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)
- 5 NM_002737-1958, gaagggttctcgatgtca (配列番号 519)
NM_002737-1835, ccattcaagcccaaagtgt (配列番号 520)
NM_002737-1234, gctgtacttcgtcatggaa (配列番号 521)
(RNAi 対象遺伝子)
- NM_002738, Homo sapiens protein kinase C, beta 1 (PRKCB1).
10 (標的配列)
- NM_002738-573, cagatccctacgtaaaact (配列番号 522)
NM_002738-1791, cattttccggtatattga (配列番号 523)
NM_002738-1384, catttaccgtgacccaaaa (配列番号 524)
NM_002738-575, gatccctacgtaaaactga (配列番号 525)
- 15 NM_002738-1315, ggagccccatgtgttattt (配列番号 526)
(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)
- NM_002738-1006, gatgaaaactgaccgatttt (配列番号 527)
NM_002738-1961, gaattcgaaggatttcct (配列番号 528)
NM_002738-1233, ccatggaccgcctgtactt (配列番号 529)
- 20 (RNAi 対象遺伝子)
- NM_015282, Homo sapiens cytoplasmic linker associated protein 1 (CLASP1).
(標的配列)
- NM_015282-2447, gagccgtatggatgtatt (配列番号 530)
NM_015282-4151, gccgagctgacgattatga (配列番号 531)
- 25 NM_015282-4152, ccgagctgacgattatgaa (配列番号 532)
NM_015282-1786, gcgatctcgaagtgtatatt (配列番号 533)
NM_015282-635, cagtcccggttgaatgtaa (配列番号 534)
- (RNAi 対象遺伝子)

NM_006287, Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) (TFPI).

(標的配列)

NM_006287-225, ctcgacagtgcgaagaatt (配列番号 535)

5 NM_006287-227, cgacagtgcgaagaattta (配列番号 536)

NM_006287-228, gacagtgcgaagaatttat (配列番号 537)

NM_006287-230, cagtgcgaagaatttat (配列番号 538)

NM_006287-393, gaatatgtcgaggttat (配列番号 539)

(RNAi 対象遺伝子)

10 NM_004073, Homo sapiens cytokine-inducible kinase (CNK).

(標的配列)

NM_004073-1283, gttgactactccaataagt (配列番号 540)

NM_004073-138, gcgcctacgctgtcaaagt (配列番号 541)

NM_004073-239, cgccacatcgtgcgtttt (配列番号 542)

15 NM_004073-1281, gggttgactactccaataa (配列番号 543)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004073-192, gcgagaagatcctaaatga (配列番号 544)

NM_004073-183, cgcatcagcgcgagaagat (配列番号 545)

20 NM_004073-190, gcgcgagaagatcctaaat (配列番号 546)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003384, Homo sapiens vaccinia related kinase 1 (VRK1).

(標的配列)

NM_003384-776, ctttggaggataatttga (配列番号 547)

25 NM_003384-773, ctcccttggaggataatt (配列番号 548)

NM_003384-195, caccttgtgttgtaaaagt (配列番号 549)

NM_003384-777, cttggaggataatttcaa (配列番号 550)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003384-372, gttacaggtttatgataat (配列番号 551)

NM_003384-463, gcagctaagcttaagaatt (配列番号 552)

NM_003384-977, ggactaaaagctataggaa (配列番号 553)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_006296, Homo sapiens vaccinia related kinase 2 (VRK2).

(標的配列)

NM_006296-366, gacttaggaatagattaca (配列番号 554)

NM_006296-165, caagacatgttagaaaaagt (配列番号 555)

10 NM_006296-874, ggtatgtgctcatagttt (配列番号 556)

NM_006296-541, ggtttatcttgcagattat (配列番号 557)

NM_006296-113, ggatttgattgatataatt (配列番号 558)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_006296-560, ggacttcctacagatatt (配列番号 559)

15 NM_006296-626, cataatggacaatagagt (配列番号 560)

NM_006296-568, ctacagatattgtcccaat (配列番号 561)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004672, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 6

(MAP3K6).

20 (標的配列)

NM_004672-2221, ctttctcctccgaactttt (配列番号 562)

NM_004672-1489, gatgttggagttgattat (配列番号 563)

NM_004672-814, caaagagctccggctaata (配列番号 564)

NM_004672-51, ccctgcgggaggatgtttt (配列番号 565)

25 NM_004672-503, gccgagcagcataatgtct (配列番号 566)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004672-442, ggactactcgccatcatt (配列番号 567)

NM_004672-277, ctatttccgggagaccatt (配列番号 568)

NM_004672-1929, ggctgctcaagattctga (配列番号 569)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_005923, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5 (MAP3K5).

5 (標的配列)

NM_005923-3294, gatccactgaccaaaaat (配列番号 570)

NM_005923-838, caggaaagctcgtaattta (配列番号 571)

NM_005923-840, ggaaagctcgtaattata (配列番号 572)

NM_005923-1525, gtacctaagtcttattgtta (配列番号 573)

10 NM_005923-2517, ctggtaccctccagtttat (配列番号 574)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_020998, Homo sapiens macrophage stimulating 1 (hepatocyte growth factor-like) (MST1).

(標的配列)

15 NM_020998-943, ccgatttacgccagaaaaa (配列番号 575)

NM_020998-944, cgatttacgccagaaaaat (配列番号 576)

NM_020998-945, gatttacgccagaaaaata (配列番号 577)

NM_020998-698, ggtctggacgacaactatt (配列番号 578)

NM_020998-1827, ccaaaggtaacggtaatga (配列番号 579)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_003576, Homo sapiens serine/threonine kinase 24 (STE20 homolog, yeast) (STK24).

(標的配列)

NM_003576-348, gctccgcactagatctatt (配列番号 580)

25 NM_003576-349, ctccgcactagatcttatta (配列番号 581)

NM_003576-351, ccgcactagatcttattaga (配列番号 582)

NM_003576-352, cgcaactagatcttattagaa (配列番号 583)

NM_003576-437, ctccattcggagaagaaaa (配列番号 584)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003576-148, gttcaaaggcattgacaat (配列番号 585)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_016542, Homo sapiens Mst3 and SOK1-related kinase (MST4).

5 (標的配列)

NM_016542-857, ctgatagatcggttaaga (配列番号 586)

NM_016542-139, gcaagtgcgttgcattaaa (配列番号 587)

NM_016542-1133, gaagaactcgagaaaaagta (配列番号 588)

NM_016542-556, ggctcctgaagttattcaa (配列番号 589)

10 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_016542-613, gggaaattactgctattgaa (配列番号 590)

NM_016542-669, caatgagagttctgtttct (配列番号 591)

NM_016542-1063, gataatcacacacgtcattt (配列番号 592)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_002576, Homo sapiens p21/Cdc42/Rac1-activated kinase 1 (STE20 homolog, yeast) (PAK1).

(標的配列)

NM_002576-38, gccctccgatgagaata (配列番号 593)

NM_002576-788, ggcgatcctaagaagaaat (配列番号 594)

20 NM_002576-3, caaataacggcttagacat (配列番号 595)

NM_002576-154, ccgattttaccgatccatt (配列番号 596)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002576-1020, gggtttatggaatactt (配列番号 597)

NM_002576-1165, catcaagagtgacaatatt (配列番号 598)

25 NM_002576-1015, gctgtgggttatggaa (配列番号 599)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002577, Homo sapiens p21 (CDKN1A)-activated kinase 2 (PAK2).

(標的配列)

- NM_002577-721, cataggtgaccctaagaaa (配列番号 600)
NM_002577-908, cccaacatcgtaactttt (配列番号 601)
NM_002577-909, ccaacatcgtaacttttt (配列番号 602)
NM_002577-557, ccggatcatacgaatcaa (配列番号 603)
- 5 NM_002577-558, cggatcatacgaatcaat (配列番号 604)
(RNAi 対象遺伝子)
NM_002578, Homo sapiens p21 (CDKN1A)-activated kinase 3 (PAK3).
(標的配列)
NM_002578-458, catccttcgagtacaaaaa (配列番号 605)
- 10 NM_002578-1467, ctgtattccgtgacttttt (配列番号 606)
NM_002578-1469, gtattccgtgactttttaa (配列番号 607)
NM_002578-706, cacagatcggcaaagaaaa (配列番号 608)
NM_002578-3, ctgacggtctggataatga (配列番号 609)
(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)
- 15 NM_002578-1376, cccccttaccttaatgaaa (配列番号 610)
NM_002578-219, cagactttgagcatacgt (配列番号 611)
NM_002578-254, gcagtcaccgggaaattca (配列番号 612)
(RNAi 対象遺伝子)
NM_005884, Homo sapiens p21 (CDKN1A)-activated kinase 4 (PAK4).
- 20 (標的配列)
NM_005884-1502, gggataatggtgattgaga (配列番号 613)
NM_005884-1503, ggataatggtgattgagat (配列番号 614)
NM_005884-883, gcccacagcgagtatcccat (配列番号 615)
NM_005884-77, cagcacgagcagaagttca (配列番号 616)
- 25 NM_005884-1494, ggtcgctggggataatgg (配列番号 617)
(RNAi 対象遺伝子)
NM_002755, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 1
(MAP2K1).

(標的配列)

NM_002755-280, ggccagaaaagcttaattcat (配列番号 618)

NM_002755-402, gcgatggcgagatcagtat (配列番号 619)

NM_002755-404, gatggcgagatcagtatct (配列番号 620)

5 NM_002755-682, ctacatgtcgccagaaaga (配列番号 621)

NM_002755-1128, ccaccatcggcctaacca (配列番号 622)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002755-912, gacctccatggcaatttt (配列番号 623)

NM_002755-915, ctcccatggcaatttttga (配列番号 624)

10 NM_002755-911, cgacacctccatggcaattt (配列番号 625)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_030662, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 2

(MAP2K2).

(標的配列)

15 NM_030662-1136, gccggctggtttgtaaaa (配列番号 626)

NM_030662-184, caaggctggcgaactcaaa (配列番号 627)

NM_030662-959, ctcctggactatattgtga (配列番号 628)

NM_030662-183, ccaaggtcggcgaactcaa (配列番号 629)

NM_030662-711, ggttgcagggcacacatta (配列番号 630)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002756, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 3

(MAP2K3).

(標的配列)

NM_002756-257, cgcacggtcgactgtttct (配列番号 631)

25 NM_002756-258, gcacggtcgactgtttcta (配列番号 632)

NM_002756-289, ctacggggcactattcaga (配列番号 633)

NM_002756-285, ctttctacggggcactatt (配列番号 634)

NM_002756-44, gactccggacccatca (配列番号 635)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002756-129, gagcctatgggtggtaga (配列番号 636)

NM_002756-41, ctggactccggaccttca (配列番号 637)

NM_002756-89, gaggctgatgacttggtga (配列番号 638)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002758, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 6
(MAP2K6).

(標的配列)

NM_002758-394, ggatacatcaactagataaa (配列番号 639)

10 NM_002758-395, gatacatcaactagataaat (配列番号 640)

NM_002758-755, cttcgattccctatgatt (配列番号 641)

NM_002758-340, ctttatggcgcactgttt (配列番号 642)

NM_002758-399, catcaactagataaattcta (配列番号 643)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

15 NM_002758-312, ggacggtgactgtccatt (配列番号 644)

NM_002758-418, caaacaagttattgataaa (配列番号 645)

NM_002758-415, ctacaaacaagttattgat (配列番号 646)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_003010, Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 4
(MAP2K4).

(標的配列)

NM_003010-543, ctacctcggttataagtt (配列番号 647)

NM_003010-1130, gcatgctatgttgtaaaa (配列番号 648)

NM_003010-1056, ccaaaaaggccaaagtataaa (配列番号 649)

25 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003010-1129, cgcatgctatgttgtaaaa (配列番号 650)

NM_003010-1057, caaaaaggccaaagtataaa (配列番号 651)

NM_003010-452, gtaatcgaggatgtgatt (配列番号 652)

100

(RNAi 対象遺伝子)

NM_016123, Homo sapiens interleukin-1 receptor-associated kinase 4
(IRAK4).

(標的配列)

5 NM_016123-1299, gccaatgtcggcatgaaaa (配列番号 653)

NM_016123-1073, gcttgcgtggagaaataa (配列番号 654)

NM_016123-38, ctcaatgttggactaatta (配列番号 655)

NM_016123-769, cctctgcttagtatatgtt (配列番号 656)

10 NM_016123-1180, gttattgctagatattaaa (配列番号 657)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002880, Homo sapiens v-raf-1 murine leukemia viral oncogene homolog 1
(RAF1).

(標的配列)

15 NM_002880-1703, gatcttagtaagcttatata (配列番号 658)

NM_002880-232, gcatgactgccttatgaaa (配列番号 659)

NM_002880-1597, ctatggcatcgattgtat (配列番号 660)

NM_002880-1706, cttagtaagctatataaga (配列番号 661)

NM_002880-568, cagacaactcttattgttt (配列番号 662)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_000020, Homo sapiens activin A receptor type II-like 1 (ACVRL1).

(標的配列)

NM_000020-1453, caagaagacactacaaaaaa (配列番号 663)

NM_000020-722, gagactgagatctataaca (配列番号 664)

25 NM_000020-1456, gaagacactacaaaaatt (配列番号 665)

NM_000020-728, gagatctataacacagtat (配列番号 666)

NM_000020-846, gtcgcctctacgactttct (配列番号 667)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001105, Homo sapiens activin A receptor, type I (ACVR1).

(標的配列)

NM_001105-1456, cacagcaactgcgtatcaaa (配列番号 668)

NM_001105-428, gttgctctccgaaaattta (配列番号 669)

5 NM_001105-431, gctctccgaaaatttaaaa (配列番号 670)

NM_001105-1460, gcactgcgtatcaaaaaga (配列番号 671)

NM_001105-1458, cagcaactgcgtatcaaaaa (配列番号 672)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001105-1306, caatgacccaagtttgaa (配列番号 673)

10 NM_001105-1381, gttctcagacccgacatta (配列番号 674)

NM_001105-281, caagggactggtgtaaca (配列番号 675)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004302, Homo sapiens activin A receptor, type IB (ACVR1B).

(標的配列)

15 NM_004302-609, cccgaaccatcgccccata (配列番号 676)

NM_004302-610, ccgaaccatcgccccata (配列番号 677)

NM_004302-897, caattgagggatgattaa (配列番号 678)

NM_004302-857, cacgggtccctgtttgatt (配列番号 679)

NM_004302-859, cgggtccctgttgattat (配列番号 680)

20 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004302-1119, ggggggggaccaaacgata (配列番号 681)

NM_004302-1063, cctggctgtccgtcatgat (配列番号 682)

NM_004302-1121, gtggggaccaaacgataca (配列番号 683)

(RNAi 対象遺伝子)

25 NM_145259, Homo sapiens activin A receptor, type IC (ACVR1C).

(標的配列)

NM_145259-1419, ctgctttcgatattaagaa (配列番号 684)

NM_145259-956, gctcatcgagacataaaat (配列番号 685)

102

NM_145259-825, gctccttatatgactattt (配列番号 686)

NM_145259-959, catcgagacataaaatcaa (配列番号 687)

NM_145259-1237, gtaccaattgccttattat (配列番号 688)

(RNAi 対象遺伝子)

5 NM_004612, Homo sapiens transforming growth factor, beta receptor I
(activin A receptor type II-like kinase, 53kDa) (TGFBR1).
(標的配列)

NM_004612-236, cgagataggccgttgtat (配列番号 689)

NM_004612-1451, gcattgcggattaagaaaa (配列番号 690)

10 NM_004612-463, ccatcgagtgccaaatgaa (配列番号 691)

NM_004612-492, cattagatcgccctttat (配列番号 692)

NM_004612-1449, cagcattgcggattaagaa (配列番号 693)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004612-829, gttggtgtcagattatcat (配列番号 694)

15 NM_004612-288, caacatattgctgaatca (配列番号 695)

NM_004612-839, gattatcatgagcatggat (配列番号 696)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004836, Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2-alpha
kinase 3 (EIF2AK3).

20 (標的配列)

NM_004836-1594, catagcaacaacgtttatt (配列番号 697)

NM_004836-1419, catatgataatggttatta (配列番号 698)

NM_004836-1900, ggtaatgcgagaagttaaa (配列番号 699)

NM_004836-1248, ctaatgaaaacgcaattat (配列番号 700)

25 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004836-784, ctttgaacttcggtatatt (配列番号 701)

NM_004836-782, cacttgaacttcggtata (配列番号 702)

NM_004836-983, gaatgggagtagccagtttt (配列番号 703)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001433, Homo sapiens ER to nucleus signalling 1 (ERN1).

(標的配列)

NM_001433-2407, cattgcacgagaattgata (配列番号 704)

5 NM_001433-2277, caggctgcgtctttacta (配列番号 705)

NM_001433-2530, cgtgagcgacagaatagaa (配列番号 706)

NM_001433-1149, ccaaacatcggaaaaatgt (配列番号 707)

NM_001433-364, ggacatctggtatgttatt (配列番号 708)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

10 NM_001433-319, cccatgccgaagttcagat (配列番号 709)

NM_001433-2254, ctacacggtgacatctt (配列番号 710)

NM_001433-324, gccgaagttcagatgaaat (配列番号 711)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001278, Homo sapiens conserved helix-loop-helix ubiquitous kinase

15 (CHUK).

(標的配列)

NM_001278-746, ggagaagttcggttagta (配列番号 712)

NM_001278-1879, ggccttcagtaatatcaaa (配列番号 713)

NM_001278-864, gacctgtgaccttacttt (配列番号 714)

20 NM_001278-2150, ggccatttaaggcactatta (配列番号 715)

NM_001278-2151, gccatttaaggcactattat (配列番号 716)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001278-645, ctggatataggccttttt (配列番号 717)

NM_001278-1354, gttaagtcttttagatat (配列番号 718)

25 NM_001278-1203, gtttatctgattgtgtaaa (配列番号 719)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_014002, Homo sapiens inhibitor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells, kinase epsilon (IKBKE).

(標的配列)

NM_014002-2107, catcgaacggctaaataga (配列番号 720)

NM_014002-1724, ctggataaggtgaatttca (配列番号 721)

NM_014002-535, cctgcatcccgacatgtat (配列番号 722)

5 NM_014002-1220, ctgcaggcggattacaaca (配列番号 723)

NM_014002-1726, ggataaggtgaatttcagt (配列番号 724)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_014002-54, ccactgccagtgtgtacaa (配列番号 725)

(RNAi 対象遺伝子)

10 NM_003177, Homo sapiens spleen tyrosine kinase (SYK).

(標的配列)

NM_003177-1222, caatgaccccgctcttaaa (配列番号 726)

NM_003177-713, cagctagtcgagcattatt (配列番号 727)

NM_003177-849, ggtcagcgggtggaataat (配列番号 728)

15 NM_003177-715, gcttagtcgagcattattct (配列番号 729)

NM_003177-1389, gacatgtcaaggataagaa (配列番号 730)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_003177-1559, gctgatgaaaactactaca (配列番号 731)

NM_003177-1028, gacacagaggtgtacgaga (配列番号 732)

20 NM_003177-1560, ctgatgaaaactactacaa (配列番号 733)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_153831, Homo sapiens PTK2 protein tyrosine kinase 2 (PTK2).

(標的配列)

NM_153831-451, gaagagcgttatatatgtta (配列番号 734)

25 NM_153831-1889, gtaatcggtcgaattgaaa (配列番号 735)

NM_153831-93, caatggagcgagttttaaa (配列番号 736)

NM_153831-2747, ctggaccggtcgaatgata (配列番号 737)

NM_153831-92, gcaatggagcgagtattaa (配列番号 738)

105

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_153831-1767, ctccagagtcaatcaattt (配列番号 739)

NM_153831-1766, gtcgcagagtcaatcaattt (配列番号 740)

NM_153831-599, gttgggttaaaggcatttt (配列番号 741)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_173174, Homo sapiens PTK2B protein tyrosine kinase 2 beta (PTK2B).

(標的配列)

NM_173174-1273, ggtcctgaatcgatttctt (配列番号 742)

NM_173174-1776, ccccaagagtccatttaactt (配列番号 743)

10 NM_173174-1723, ggacgaggactattacaaa (配列番号 744)

NM_173174-2486, gaccatggtttatatga (配列番号 745)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_173174-378, ggaggtatgaccaa (配列番号 746)

NM_173174-1182, gcagcatagagttagacat (配列番号 747)

15 NM_173174-376, gtggaggtatgaccaa (配列番号 748)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002944, Homo sapiens v-ros UR2 sarcoma virus oncogene homolog 1

(avian) (ROS1).

(標的配列)

20 NM_002944-417, gaagctggacttataactaa (配列番号 749)

NM_002944-2123, gacatggattggataaca (配列番号 750)

NM_002944-2163, cgaaaggcgacgttttgt (配列番号 751)

NM_002944-1385, caagccaaggcgaatcattt (配列番号 752)

25 NM_002944-416, ggaagctggacttatacta (配列番号 753)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002944-3048, ctgtcactccttataccta (配列番号 754)

NM_002944-3044, ctttctgtcactccttata (配列番号 755)

NM_002944-1051, caacatgtctgatgtatct (配列番号 756)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004304, Homo sapiens anaplastic lymphoma kinase (Ki-1) (ALK).

(標的配列)

5 NM_004304-2469, ccacctaagtatttaagat (配列番号 757)

NM_004304-4067, cctgtataccggataatga (配列番号 758)

NM_004304-2468, gccacctaagtatttaaga (配列番号 759)

NM_004304-4183, cgcttgccgatagaatat (配列番号 760)

NM_004304-2922, gcccacggggaaagtgaatat (配列番号 761)

10 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_004304-3258, ccatcatgaccgactacaa (配列番号 762)

NM_004304-2833, caatgaccccgaaatggat (配列番号 763)

NM_004304-3156, ccggcatcatgattgtgta (配列番号 764)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_000245, Homo sapiens met proto-oncogene (hepatocyte growth factor receptor) (MET).

(標的配列)

NM_000245-2761, gaacagcgagctaaatata (配列番号 765)

NM_000245-1271, cagcgcgttgacttattca (配列番号 766)

20 NM_000245-1086, gtgcattccctatcaaata (配列番号 767)

NM_000245-725, gattcttacccattaagt (配列番号 768)

NM_000245-3619, caaaggatgaaatatctt (配列番号 769)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000245-2987, cattggataggctttaa (配列番号 770)

25 NM_000245-801, ctcttagatgctcagacttt (配列番号 771)

NM_000245-2660, gttaaagggtgaagtgttaa (配列番号 772)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002529, Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 1 (NTRK1).

(標的配列)

NM_002529-2091, gcatcctgtaccgtaagtt (配列番号 773)

5 NM_002529-345, ggctcagtgcgcctgaatct (配列番号 774)

NM_002529-347, ctcagtcgcctgaatctct (配列番号 775)

NM_002529-953, ggctccgtgctcaatgaga (配列番号 776)

NM_002529-1987, ggtcaagattggtgatttt (配列番号 777)

(RNAi 対象遺伝子)

10 NM_006180, Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2 (NTRK2).

(標的配列)

NM_006180-358, caattttacccgaaaacaaa (配列番号 778)

NM_006180-1642, catcaaggcgacataacatt (配列番号 779)

15 NM_006180-663, gtgatccgggttcctaataat (配列番号 780)

NM_006180-665, gatccgggttcctaataatgt (配列番号 781)

NM_006180-792, cttgtgtggcgaaatct (配列番号 782)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_006180-562, cctgcagatacccaattgt (配列番号 783)

20 NM_006180-898, ctgggcattccattcact (配列番号 784)

NM_006180-735, cacaggccttaaggat (配列番号 785)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000208, Homo sapiens insulin receptor (INSR).

(標的配列)

25 NM_000208-2562, gccctgtgacgcatgaaat (配列番号 786)

NM_000208-2565, ctgtgacgcatgaaatott (配列番号 787)

NM_000208-3492, gcatggtcgcccattgattt (配列番号 788)

NM_000208-3493, catggtcgccccatgatttt (配列番号 789)

NM_000208-329, ggatcacgactgttctta (配列番号 790)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000208-2911, gattggaagtatttatcta (配列番号 791)

NM_000208-902, caccaataacgtcattcaca (配列番号 792)

5 NM_000208-1514, cggacatctttgacaaga (配列番号 793)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000323, Homo sapiens ret proto-oncogene (multiple endocrine neoplasia and medullary thyroid carcinoma 1, Hirschsprung disease) (RET).

(標的配列)

10 NM_000323-2679, gcttgtcccgagatgttta (配列番号 794)

NM_000323-3066, catctgactccctgattta (配列番号 795)

NM_000323-3069, ctgactccctgatttatga (配列番号 796)

NM_000323-2680, cttgtcccgagatgtttat (配列番号 797)

NM_000323-2728, gggtcggattccagttaaa (配列番号 798)

15 (マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000323-3159, ccacatggattgaaaacaa (配列番号 799)

NM_000323-3156, cttccacatggattgaaaa (配列番号 800)

NM_000323-3155, cttccacatggattgaaa (配列番号 801)

(RNAi 対象遺伝子)

20 NM_006293, Homo sapiens TYR03 protein tyrosine kinase (TYR03).

(標的配列)

NM_006293-1494, gcatcagcgatgaactaaa (配列番号 802)

NM_006293-2207, gaaaacgctgagatttaca (配列番号 803)

NM_006293-2394, gccaggacccttatacat (配列番号 804)

25 NM_006293-2399, gacccttatacatcaaca (配列番号 805)

NM_006293-1493, ggcacatcagcgatgaactaa (配列番号 806)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_182925, Homo sapiens fms-related tyrosine kinase 4 (FLT4).

(標的配列)

NM_182925-758, gtgtggctgagtttaact (配列番号 807)

NM_182925-756, ccgtgtggctgagttaa (配列番号 808)

NM_182925-1217, ggcctgaggcgcaacatca (配列番号 809)

5 NM_182925-1827, gcaagaacgtgcatctgtt (配列番号 810)

NM_182925-908, gacctggctcgatgtgt (配列番号 811)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_182925-2033, cggctcaacgcagaacttga (配列番号 812)

NM_182925-330, gctactacaagtacatcaa (配列番号 813)

10 (RNAi 対象遺伝子)

NM_004119, Homo sapiens fms-related tyrosine kinase 3 (FLT3).

(標的配列)

NM_004119-1569, gtgagacgatcctttaaa (配列番号 814)

15 NM_004119-2490, gattggctcgagatatacat (配列番号 815)

NM_004119-1571, gagacgatcctttaaact (配列番号 816)

NM_004119-32, ccgctgctcggtttttt (配列番号 817)

NM_004119-730, gttcacaatagatctaaat (配列番号 818)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

20 NM_004119-92, gtgatcaagtgttttaa (配列番号 819)

NM_004119-1483, ggtgtcgagcagtactcta (配列番号 820)

NM_004119-1456, ggctaacagaaaagtgttt (配列番号 821)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002253, Homo sapiens kinase insert domain receptor (a type III

25 receptor tyrosine kinase) (KDR).

(標的配列)

NM_002253-617, gaaagttaccagtctatta (配列番号 822)

NM_002253-865, gagcaccttaactatagat (配列番号 823)

NM_002253-2020, gaatcagacgacaagtatt (配列番号 824)

NM_002253-815, gtaaacccgagacacctaaaa (配列番号 825)

NM_002253-2586, ggacagtagcagtcaaaat (配列番号 826)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

5 NM_002253-3032, gtggctaaaggcatggagt (配列番号 827)

NM_002253-3627, ccaaattccattatgacaa (配列番号 828)

NM_002253-3626, cccaaattccattatgaca (配列番号 829)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_002609, Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, beta

10 polypeptide (PDGFRB).

(標的配列)

NM_002609-961, ggtggcacactacaattt (配列番号 830)

NM_002609-2881, gttgggcgaaggttacaaa (配列番号 831)

NM_002609-409, ctttctcacggaaataact (配列番号 832)

15 NM_002609-278, gacacgggagaatactttt (配列番号 833)

NM_002609-3048, gtgacaacgactatatcat (配列番号 834)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_002609-633, catccatcaacgtcttgt (配列番号 835)

NM_002609-2784, cctccgacgagatctatga (配列番号 836)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NM_005433, Homo sapiens v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral oncogene homolog

1 (YES1).

(標的配列)

NM_005433-525, gaaatcaacgaggtatttt (配列番号 837)

25 NM_005433-670, cacaaccagagcacaattt (配列番号 838)

NM_005433-1333, gtatggtcggttacaata (配列番号 839)

NM_005433-1331, ctgtatggtcggttacaa (配列番号 840)

NM_005433-416, ggttatatcccgagcaatt (配列番号 841)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_005433-953, caagaagctcagataatga (配列番号 842)

NM_005433-1, gggctgcattaaaagtaaa (配列番号 843)

NM_005433-4, ctgcattaaaagtaaagaa (配列番号 844)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_002005, Homo sapiens feline sarcoma oncogene (FES).

(標的配列)

NM_002005-1696, gattggacgggggaacttt (配列番号 845)

NM_002005-2181, cacctgaggcccttaacta (配列番号 846)

10 NM_002005-1553, ggcttccttagcattcatt (配列番号 847)

NM_002005-683, gaataacctggagat tagca (配列番号 848)

NM_002005-74, ctactggagggcatgagaa (配列番号 849)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_000633, Homo sapiens B-cell CLL/lymphoma 2 (BCL2).

15 (標的配列)

NM_000633-43, gatgaagtacatccattat (配列番号 850)

NM_000633-41, gtgatgaagtacatccatt (配列番号 851)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_000633-452, gagttcggtgggtcatgt (配列番号 852)

20 NM_000633-454, gttcggtgggtcatgtgt (配列番号 853)

NM_000633-525, ggatgactgagtacctgaa (配列番号 854)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_001167, Homo sapiens baculoviral IAP repeat-containing 4 (BIRC4).

(標的配列)

25 NM_001167-302, gccacgcagtctacaatt (配列番号 855)

NM_001167-794, gaagcacggatcttactt (配列番号 856)

NM_001167-485, gaagaagctagattaaagt (配列番号 857)

NM_001167-402, cacatgcagactatcttt (配列番号 858)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

NM_001167-71, gaagagttaatagattaa (配列番号 859)

NM_001167-68, gtagaagagttaatagat (配列番号 860)

NM_001167-1354, ctgtatggatagaaatatt (配列番号 861)

5 (RNAi 対象遺伝子)

NM_139317, Homo sapiens baculoviral IAP repeat-containing 7 (livin) (BIRC7).

(標的配列)

NM_139317-458, ctgctccggtaaaaaggaa (配列番号 862)

10 NM_139317-457, cctgctccggtaaaaaggaa (配列番号 863)

NM_139317-743, gagaggacgtgcaagggt (配列番号 864)

NM_139317-774, ccgtgtccatcgctttgt (配列番号 865)

NM_139317-417, cctggacggagcatgcaa (配列番号 866)

(RNAi 対象遺伝子)

15 NM_005036, Homo sapiens peroxisome proliferative activated receptor, alpha (PPARA).

(標的配列)

NM_005036-922, gctaaaatacggagtttat (配列番号 867)

NM_005036-1243, ccaccggacgatatcttt (配列番号 868)

20 NM_005036-711, cttttgtcatacatgatat (配列番号 869)

NM_005036-498, cacacaacgcgattcgttt (配列番号 870)

NM_005036-988, gctggtagcgtatggaaat (配列番号 871)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_138712, Homo sapiens peroxisome proliferative activated receptor, gamma (PPARG).

(標的配列)

NM_138712-953, ggagtccacgagatcattt (配列番号 872)

NM_138712-304, ctccctcatggcaattgaa (配列番号 873)

NM_138712-954, gagtccacgagatcattta (配列番号 874)

NM_138712-445, ctgtcgatccacaaaaaa (配列番号 875)

NM_138712-409, cagattgaagcttatctat (配列番号 876)

(マウスのホモログに対しても有効な標的配列)

5 NM_138712-239, gcatctccacaccttattatt (配列番号 877)

NM_138712-688, ggcgagggcgatcttgaca (配列番号 878)

NM_138712-664, gtccttcccgtgacaaa (配列番号 879)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004421, Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 1 (Drosophila) (DVL1).

10 (標的配列)

NM_004421-1173, ccgtcgtccgggtcatgca (配列番号 880)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004422, Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 2 (Drosophila) (DVL2).

(標的配列)

15 NM_004422-1253, gtccatacggacatggcat (配列番号 881)

(RNAi 対象遺伝子)

NM_004423, Homo sapiens dishevelled, dsh homolog 3 (Drosophila) (DVL3).

(標的配列)

NM_004423-1197, gcctagacgacttccactt (配列番号 882)

20 (RNAi 対象遺伝子)

NC_001802, Human immunodeficiency virus 1, complete genome.

(標的配列)

NC_001802-8242, ggacagatagggttataga (配列番号 883)

NC_001802-340, gcgagagcgtcagtattaa (配列番号 884)

25 NC_001802-1222, gtagaccggttctataaaa (配列番号 885)

NC_001802-1818, cgaccctcgtaataaa (配列番号 886)

NC_001802-4973, gccctaggtgtaatatca (配列番号 887)

NC_001802-5224, gcttagggcaacatatcta (配列番号 888)

NC_001802-550, gaagaacttagatcattat (配列番号 889)

NC_001802-1777, gaactgtatccttaactt (配列番号 890)

NC_001802-3244, gaaagactcctaaattaa (配列番号 891)

NC_001802-5225, cttaggcaacatatctat (配列番号 892)

5

[発明の効果]

本発明よれば、実際にRNAi効果を示すsiRNAを高い確率で得ることができる。したがって、新規なsiRNAを調製する場合に、試験者の経験等に基づき実際にsiRNAを合成してRNAi効果を有するか否か確認するため試行錯誤を繰り返す労力を大幅に軽減できる。すなわち、本発明は、新規な配列を有するsiRNAの検索あるいは作製に極めて好適である。さらに、本発明により、所望のsiRNAを短時間で多種得ることができる。試行錯誤的にsiRNAを実際に作製する必要性が低減されるため、RNA干渉を利用する試験、製造などの方法に要するコストを大幅に削減することができる。また、本発明は、RNAi効果を利用したあらゆる試験、製造などの方法を大幅に簡略化させると共に、方法としての確実性は大幅に向上させることができる。本発明は、哺乳類などの高等動物を対象とするRNA干渉を行う際に特に有効性を発揮するものである。

。

20 産業上の利用可能性

以上のように、本発明は、RNA干渉 (RNA interference) に関し、詳しくは、RNA干渉を利用した試験、製造などの効率を向上させる、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの配列設計方法等に関する。

請求の範囲

1. RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列から、下記（a）から（d）の規則に従う配列部位を検索する、RNA干渉の標的塩基配列の検索方法。

- 5 (a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。
(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。
(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。
(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

10

2. 前記規則（c）において、7塩基のうち少なくとも3塩基以上がアデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上である、請求の範囲第1項に記載の標的塩基配列の検索方法。

15 3. 前記規則（d）において、塩基数が13～28である、請求の範囲第1項または第2項に記載の標的塩基配列の検索方法。

4. 下記（a）から（d）の規則に従う塩基配列を標的遺伝子の塩基配列から検索し、検索された塩基配列と相同な塩基配列を設計する、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法。

- 20 (a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。
(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。
(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッチである。
(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

25 5. 前記規則（c）において、7塩基のうち少なくとも3塩基以上がアデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上である、請

求の範囲第4項に記載の塩基配列設計方法。

6. 設計される相同的な塩基配列の塩基数が13～28である、請求の範囲第4項または第5項に記載の塩基配列設計方法。

5

7. 前記設計される相同的な塩基配列の少なくとも80%以上の塩基が検索された塩基配列と一致するように設計する、請求の範囲第4項から第6項のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

10 8. 検索された塩基配列の3'末端の塩基と設計される塩基配列の3'末端の塩基とが同一であり、かつ、検索された塩基配列の5'末端の塩基と設計される塩基配列の5'末端の塩基とが同一である、請求の範囲第4項から第7項のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

15 9. ポリヌクレオチドの3'末端に、オーバーハング部位を付加する、請求の範囲第4項から第8項のいずれか一項に記載の塩基配列設計方法。

10. 2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法であって、

一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則

20 に従う規定配列と相同的な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、

他方の鎖が、前記規定配列と相同的な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、

各鎖の塩基数が15～30であるように設計された2本鎖ポリヌクレオチドを合成する、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法。

(a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルから

なる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッヂである。

(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

1 1. RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列中から下記(a)から(d)の規則

5 に従う塩基数13～28の配列部位を検索し、一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配
列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則に従う規定配列と相同な塩基配列
の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され、他方の鎖が、前記規定配列と
相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成され
、各鎖の塩基数が15～30であるように合成された、2本鎖ポリヌクレオチド

10 。

(a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3'末端の7塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルから
なる群より選ばれる1種または2種以上の塩基がリッヂである。

15 (d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずにRNA干渉を生じさせ得る数である。

1 2. RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列中から下記(a)から(d)の規則

に従う塩基数13～28の配列部位を検索する工程と、

一方の鎖が、標的遺伝子の塩基配列中に含まれる、下記(a)から(d)の規則
20 に従う規定配列と相同な塩基配列の3'末端にオーバーハング部を設けて形成さ
れ、他方の鎖が、前記規定配列と相同な塩基配列と相補的な配列の3'末端にオ
ーバーハング部を設けて形成され、各鎖の塩基数が15～30であるように設計
された2本鎖ポリヌクレオチドを合成する工程と、

25 合成された2本鎖ポリヌクレオチドを、発現を抑制しようとする標的遺伝子の發
現系に導入して標的遺伝子の発現を抑制する工程と、
を含む、遺伝子発現抑制方法。

(a) 3'末端の塩基が、アデニン、チミンまたはウラシルである。

(b) 5'末端の塩基が、グアニンまたはシトシンである。

(c) 3' 末端の 7 塩基の配列において、アデニン、チミンおよびウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上の塩基がリッヂである。

(d) 塩基数が、細胞毒性を生じさせずに RNA 干渉を生じさせ得る数である。

5 13. RNA 干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成手段と、

上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の 3' 末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する 3' 末端塩基判定手段と、
10

上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の 5' 末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する 5' 末端塩基判定手段と、

上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の上記 3' 末端の 7 塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上の上記塩基がリッヂな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定手段と、

上記 3' 末端塩基判定手段、上記 5' 末端塩基判定手段、および、上記特定塩基含有判定手段にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報から上記標的遺伝子に特異的に上記 RNA 干渉を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択手段と、
20

を備えたことを特徴とする塩基配列処理装置。

14. 上記部分塩基配列作成手段は、

25 上記塩基配列情報の上記標的遺伝子のコード領域、または、転写領域に対応する部位から、上記予め定めた上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する領域指定塩基配列作成手段、

をさらに備えたことを特徴とする請求の範囲第 13 項に記載の塩基配列処理裝

置。

1 5. 上記部分塩基配列作成手段は、

異なる生物に由来する複数の上記塩基配列情報の間で共通する、上記予め定め
5 た上記塩基数の上記部分塩基配列情報を作成する共通塩基配列作成手段、
をさらに備えたことを特徴とする請求の範囲第13項または第14項に記載の
塩基配列処理装置。

1 6. 上記リッチな上記塩基配列情報は、

10 上記7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および
、上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基が少なく
とも3塩基以上含まれる上記塩基配列情報であること、
を特徴とする請求の範囲第13項から第15項のいずれか一つに記載の塩基配
列処理装置。

15

1 7. 上記予め定めた上記塩基数は、13～28であること、

を特徴とする請求の範囲第13項から第16項のいずれか一つに記載の塩基配
列処理装置。

20 1 8. 上記部分塩基配列作成手段は、

オーバーハング部位を含む上記部分塩基配列情報を作成するオーバーハング部
位含有塩基配列作成手段、

をさらに備えたことを特徴とする請求の範囲第13項から第17項のいずれか
一つに記載の塩基配列処理装置。

25

1 9. 上記規定配列情報の少なくとも一方の末端に上記オーバーハング部位を
付加するオーバーハング部位付加手段、

を備えたことを特徴とする請求の範囲第13項から第17項のいずれか一つに

記載の塩基配列処理装置。

20. 上記オーバーハング部位の塩基数は、2であること、
を特徴とする請求の範囲第18項または第19項に記載の塩基配列処理装置。

5

21. 上記規定配列情報と同一または類似の上記塩基配列情報を他の上記塩基配列情報から検索する同一類似塩基配列検索手段と、

上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の遺伝
10 子を標的にするか否かを評価する無関係遺伝子標的評価手段と、

を備えたことを特徴とする請求の範囲第13項から第20項のいずれか一つに記載の塩基配列処理装置。

22. 上記無関係遺伝子標的評価手段は、

15 上記同一類似塩基配列検索手段にて検索された上記同一または上記類似の上記塩基配列情報のうち上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報の総数、および、上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子の上記塩基配列情報に付された同一類似の度合いを示す値に基づいて、上記同一類似の度合いを示す値の逆数の総和を算出する総和算出手段と、

20 上記総和算出手段にて算出された上記総和に基づいて、上記規定配列情報が上記標的遺伝子とは無関係の上記遺伝子を標的にするか否かを評価する総和基準標的評価手段と、

をさらに備えたことを特徴とする請求の範囲第21項に記載の塩基配列処理装置。

25

23. R N A干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を取得して、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成工程と、

上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の3'末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する3'末端塩基判定工程と、

上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の5'末端の
5 上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する5'末端塩基判
定工程と、

上記部分塩基配列作成工程にて作成された上記部分塩基配列情報の上記3'末
端の7塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、
上記ウラシルからなる群より選ばれる1種または2種以上の上記塩基がリッチな
10 上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定工程と、

上記3'末端塩基判定工程、上記5'末端塩基判定工程、および、上記特定塩
基含有判定工程にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成工程にて
作成された上記部分塩基配列情報から上記標的遺伝子に特異的に上記RNA干渉
を生じさせる規定配列情報を選択する規定配列選択工程と、

15 を含む塩基配列処理方法をコンピュータに実行させることを特徴とするプログ
ラム。

24. 上記請求の範囲第23項に記載されたプログラムを記録したことを特徴
とするコンピュータ読み取り可能な記録媒体。

20

25. RNA干渉の標的遺伝子の塩基配列情報を処理する塩基配列処理装置と
、クライアント装置とをネットワークを介して通信可能に接続された塩基配列処
理システムにおいて、

上記クライアント装置は、

25 上記標的遺伝子の名称または上記塩基配列情報を上記塩基配列処理装置に送信
する塩基配列送信手段と、

上記塩基配列処理装置より送信された、上記標的遺伝子に特異的に上記RNA
干渉を生じさせる規定配列情報を取得する規定配列取得手段と、

を備え、

上記塩基配列処理装置は、

上記クライアント装置より送信された上記標的遺伝子の名称に対応する塩基配列情報または上記クライアント装置より送信された上記塩基配列情報取得して
5 、上記塩基配列情報の予め定めた塩基数の配列部位である部分塩基配列情報を作成する部分塩基配列作成手段と、

上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の 3' 末端の塩基がアデニン、チミン、または、ウラシルであるか否かを判定する 3' 末端塩基判定手段と、

10 上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の 5' 末端の上記塩基がグアニン、または、シトシンであるか否かを判定する 5' 末端塩基判定手段と、

15 上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報の上記 3' 末端の 7 塩基からなる上記塩基配列情報が、上記アデニン、上記チミン、および、上記ウラシルからなる群より選ばれる 1 種または 2 種以上の上記塩基がリッチな上記塩基配列情報であるか否かを判定する特定塩基含有判定手段と、

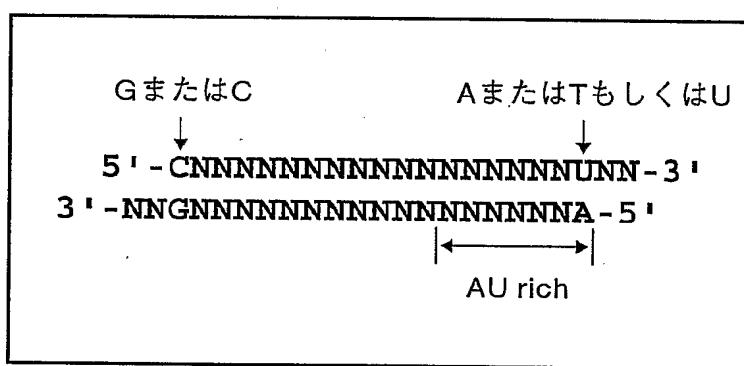
20 上記 3' 末端塩基判定手段、上記 5' 末端塩基判定手段、および、上記特定塩基含有判定手段にて判定された結果に基づいて、上記部分塩基配列作成手段にて作成された上記部分塩基配列情報から上記規定配列情報を選択する規定配列選択手段と、

上記規定配列選択手段にて選択された上記規定配列情報を上記クライアント装置に送信する規定配列送信手段と、

を備えたことを特徴とする塩基配列処理システム。

四
一
第

第2図



第3回

NM_000507: *Homo sapiens* fructose-1,6-bisphosphatase 1 (*FBP1*)
 NM_019395: *Mus musculus* fructose bisphosphatase 1 (*Fbp1*)

NM_000507	1	ATGGCTGACCAGGCAGCCCTTCGACACGGACGTCAACACCCCTGACCCGCTTCGTCACTGGAG	60
NM_019395	1	ATGGCGAACCATGCGCCCTTCGAAACGGATATCAGCACCCCTGACCCGCTTCGTCACTGGAG	60
	*****	*****	*****
NM_000507	61	GAGGGCAGGAAGGCCGCGGCACGGGCAGTTGACCCAGCTGCTCAACTCGCTCTGCACA	120
NM_019395	61	CAGGGCAGGAAGGCTCAGGGCACGGGGAGTTGACCCAGCTGCTGAATTGCTCTGCACC	120
	*****	*****	*****
NM_000507	121	GCAGTCAAAGCATACTCTTGGCGGIGCGCAAGCGGGCATCGCACCTCTATGGCATT	180
NM_019395	121	GCGATCAAAGCATACTCGTCTGCGGIGCGGCCAGCGGGCATCGCACAGCTCTATGGTATC	180
	**	*****	*****
NM_000507	181	GCTGGTTCTACCAACGTGACAGGTGATCAAGTTAAGAAGCTGGACGTCTCTCCAACGAC	240
NM_019395	181	GCTGGCTCAACCAATGTGACTGGGATCAAGTTAAGAAGCTGGACATACTTCCAATGAC	240
	*****	**	*****
NM_000507	241	CTGGTTATGAACATGTTAAAGTCATCCTTGCCACGTGTTCTCGTGTCAAGAAAGAT	300
NM_019395	241	CTGGTGTATCAATATGCTGAAGTGTCTAACGCTAACCTGTTGTTCTGTCGAAGAAAAC	300
	*****	**	*****
NM_000507	301	AAACACGCCATCATAGTGGAACCGGAGAAAAGGGTAAATATGTTGCTGTTTGATCCC	360
NM_019395	301	ACAAATGCCATCATATACTGAAACCTGAGAAAGAGGGCAAAATATGTTGCTGTTGATCCC	360
	**	*****	*****
NM_000507	361	CTTGATGGATCTTCAACATCGATTGCTTGTGTCCTGGAACCATTGGCATTAT	420
NM_019395	361	CTTGATGGCTCATCCAACATTGACTGCCTTGTGTCATCGAACCATTTGGCATTTC	420
	*****	**	*****
NM_000507	421	AGAAAGAAAATCAACTGATGAGCCCTCTGAGAAGGATGCTCTGCAACCAGGCCAACCTG	480
NM_019395	421	AGAAAGAAAAGTACTGATGAGCCCTCTGAGAAGGATGCTCTGCAAGCCGGGGACCTG	480
	*****	▲	*****
NM_000507	481	GTGGCAGCCGGCTACGCACTGTATGGCAGTGCCACCATGCTGGCTTGCCATGGACTGT	540
NM_019395	481	GTGGCAGCCGGGTATGCGCTCATGGCAGTGCCACCATGTTGGCTTGCCATGGATGT	540
	*****	**	*****
NM_000507	541	GGGGTCAACTGCTCATGCTGGACCCGGCATCGGGAGTTCAATTGGTGGACAAGGAT	600
NM_019395	541	GGTGTCAACTGCTCATGCTGGACCCGTCATTGGAGAATTTCATTATGGTGGACAGGGAC	600
	**	*****	*****
NM_000507	601	GTGAAGATAAAAAGAAGGTTAAATCTACAGCTTAACGAGGGTACGCCAGGGACTT	660
NM_019395	601	GTGAAGATGAAGAAGAAGGTTAACTACAGCTTAATGAGGGTTATGCCAAGGACTT	660
	*****	**	*****
NM_000507	661	GACCTGCGCTACTGAGTACATCCAGAGGAAGAAGTCCCCCAGATAATTAGCTCCCT	720
NM_019395	661	GACCTGCGCATCAATGAGTATCTCCAGAGGAAAAGTCCCTCGGATGGTTAGCC	720
	*****	**	*****
NM_000507	721	TATGGGCCCGGTATGGGGCTCCATGGTGGCTGATGTTCATGCACTCTGGTCTACGGA	780
NM_019395	721	TATGGGCCCGGTATGGGGCTCCATGGTGGCTGATATCACCACCTCTGGTATAIGGA	780
	*****	*****	*****
NM_000507	781	GGGATATTCCTGTACCCCGCTAACAGAACAGAGGCCCAATGGAAAGCTGAGACTGCTGTAC	840
NM_019395	781	GGGATCTTTTATACCCCGCCAACAGAACAGGCCAAGTGGAAAGCTGCGGCTGCTGTAT	840
	*****	**	*****
NM_000507	841	GAATGCAACCCCATGGCTACGTGATGGAGAAGGCTGGGGAAATGGCCACCACTGGGAAG	900
NM_019395	841	GAGTGCACCCCATAGCTTATGTCATGGAGAAGGCCGGTGGCTGCCACCAAGGGGAC	900
	**	*****	*****
NM_000507	901	GAGGCCGTGTTAGACGTACATCCCACAGACATTCAACAGAGGGCGCCGGTATCTGGGA	960
NM_019395	901	AAAGATATATTAGACATCGTCCCACCGAGATCCACCAAGAAGGCCAGTCATGGGG	960
	**	*****	*****
NM_000507	961	TCCCCCGACGACGTGCTGAGTTCTGAGAGGTGATGAGAAGCACTCTGCCAGTGA	1017
NM_019395	961	TCCTCTGAGATGTGCAAGGAGTTCTGGAGATCTACAGGAAGCACAAAGCAAGTGA	1017
	***	***	***

第4図

```

NM_000507: 36 caccctgaccgcgttcgtcatgg
NM_000507: 37 accctgaccgcgttcgtcatgga
NM_000507: 38 ccctgaccgcgttcgtcatggag
NM_000507: 433 actgatgaggcttctgagaaggaa
NM_000507: 434 ctgatgaggcttctgagaaggat
NM_000507: 435 tgatgaggcttctgagaaggatg
NM_000507: 436 gatgaggcttctgagaaggatgc
NM_000507: 437 atgaggcttctgagaaggatgct
NM_000507: 438 tgaggcttctgagaaggatgctc
NM_000507: 439 gagccttctgagaaggatgctct
NM_000507: 440 agccttctgagaaggatgctctg
NM_000507: 441 gccttctgagaaggatgctctgc
NM_000507: 442 ccttctgagaaggatgctctgca
NM_000507: 544 gtcaactgcttcatgctggaccc
NM_000507: 545 tcaactgcttcatgctggacccg

```

第5図

NM_000507: 36	caccctgaccgcgttcgtcatgg	1	1	4	4
NM_000507: 37	accctgaccgcgttcgtcatgga	0	1	3	0
NM_000507: 38	ccctgaccgcgttcgtcatggag	0	1	3	0
NM_000507: 433	actgatgaggcttctgagaaggaa	0	0	4	0
NM_000507: 434	ctgatgaggcttctgagaaggat	0	1	3	0
NM_000507: 435	tgatgaggcttctgagaaggatg	1	0	4	0
NM_000507: 436	gatgaggcttctgagaaggatgc	1	0	4	0
NM_000507: 437	atgaggcttctgagaaggatgct	0	1	4	0
NM_000507: 438	tgaggcttctgagaaggatgctc	0	0	3	0
NM_000507: 439	gagccttctgagaaggatgctct	1	1	3	0
NM_000507: 440	agccttctgagaaggatgctctg	0	1	3	0
NM_000507: 441	gccttctgagaaggatgctctgc	1	1	4	4
NM_000507: 442	ccttctgagaaggatgctctgca	0	0	3	0
NM_000507: 544	gtcaactgcttcatgctggaccc	0	1	2	0
NM_000507: 545	tcaactgcttcatgctggacccg	0	0	2	0

第6回

Sequences producing significant alignments:

			Score (bits)	E Value
ref NM_019395.1	Mus musculus	fructose bisphosphatase 1 (Fbp1), ...	4.6	9e-06
ref NM_000507.2	Homo sapiens	fructose-1,6-bisphosphatase 1 (FBP...)	4.6	9e-06
ref NM_015820.1	Mus musculus	heparan sulfate 6-O-sulfotransfера...	3.0	0.52
ref NM_003837.1	Homo sapiens	fructose-1,6-bisphosphatase 2 (FBP...)	3.0	0.52
ref NM_145960.1	Mus musculus	hypothetical protein MGC19099 (MGC...)	2.8	2.0
ref NM_010884.1	Mus musculus	N-myc downstream regulated 1 (Ndr1...)	2.8	2.0
ref NM_025405.1	Mus musculus	RIKEN cDNA 1110033J19 gene (111003...)	2.6	8.1
ref NM_029098.1	Mus musculus	RIKEN cDNA 1110013E13 gene (111001...)	2.6	8.1
ref NM_012258.2	Homo sapiens	hairy/enhancer-of-split related wi...	2.6	8.1
ref NM_018113.1	Homo sapiens	lipocalin-interacting membrane rec...	2.6	8.1
ref NM_014780.1	Homo sapiens	KIAA0076 gene product (KIAA0076), ...	2.6	8.1
ref NM_012218.1	Homo sapiens	interleukin enhancer binding facto...	2.6	8.1
ref NM_004516.1	Homo sapiens	interleukin enhancer binding facto...	2.6	8.1
ref NM_000875.2	Homo sapiens	insulin-like growth factor 1 recep...	2.6	8.1
ref NM_001188.1	Homo sapiens	BCL2-antagonist/killer 1 (BAK1), mRNA	2.6	8.1

第7回

Sequences producing significant alignments:

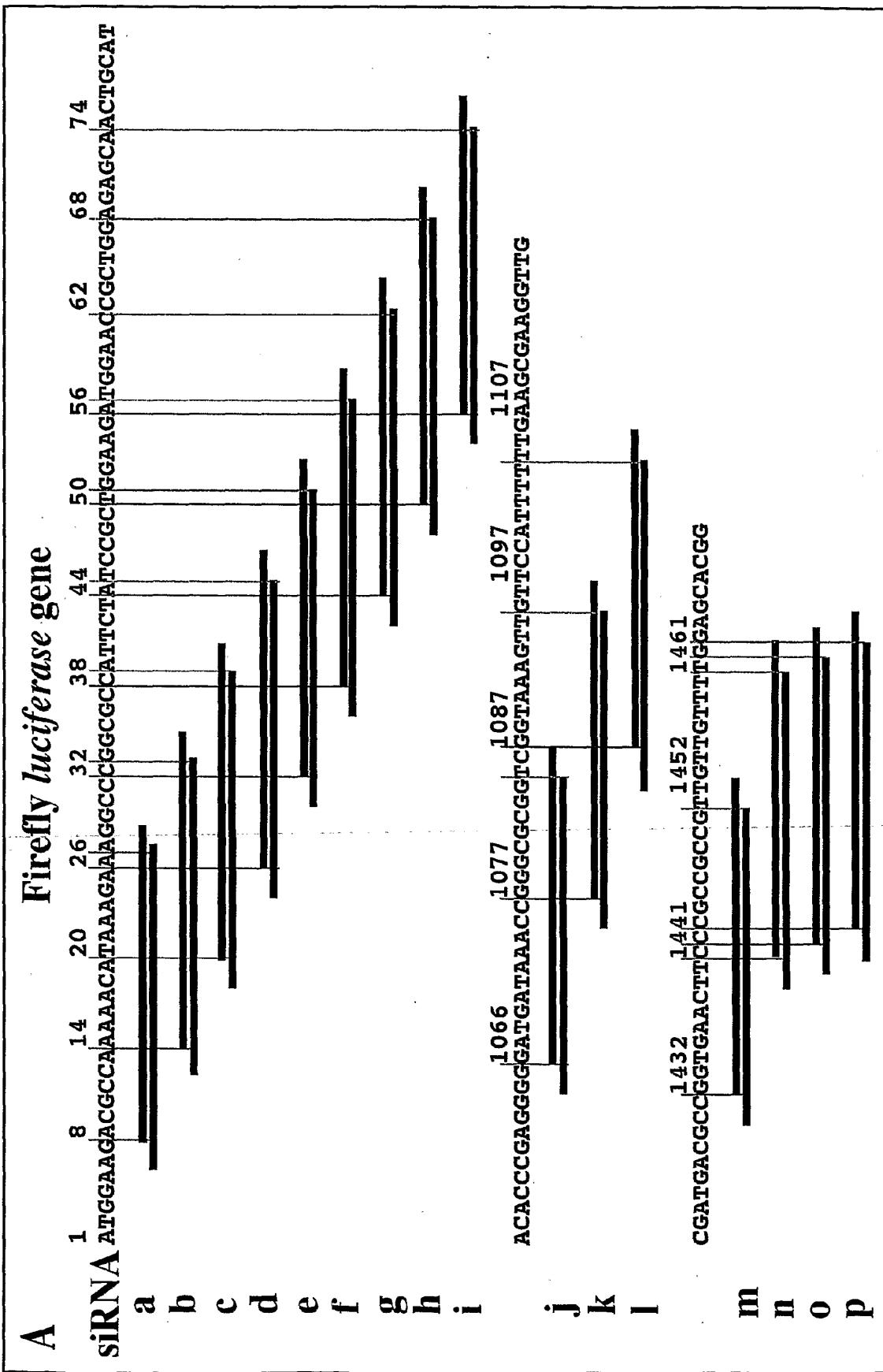
			Score (bits)	E Value
ref	NM_019395.1	Mus musculus fructose bisphosphatase 1 (Fbp1), ...	4.6	9e-06
ref	NM_000507.2	Homo sapiens fructose-1,6-bisphosphatase 1 (FBP...)	4.6	9e-06
ref	NM_007994.1	Mus musculus fructose bisphosphatase 2 (Fbp2), ...	3.6	0.008
ref	NM_139045.1	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated...	3.2	0.13
ref	NM_003070.2	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated...	3.2	0.13
ref	NM_022026.1	Mus musculus aquaporin 9 (Aqp9), mRNA	3.0	0.52
ref	NM_011834.1	Mus musculus kynurenine aminotransferase II (Ka...)	3.0	0.52
ref	NM_008632.1	Mus musculus microtubule-associated protein 2 (...)	3.0	0.52
ref	NM_023266.1	Mus musculus RIKEN cDNA 1200003I07 gene (120000...)	3.0	0.52
ref	NM_144499.1	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein...	3.0	0.52
ref	NM_000172.2	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein...	3.0	0.52
ref	NM_015125.2	Homo sapiens capicua homolog (Drosophila) (CIC) ...	3.0	0.52
ref	NM_146249.1	Mus musculus hypothetical protein MGC18735 (MGC...)	2.8	2.0
ref	NM_027017.1	Mus musculus RIKEN cDNA 3300002I08 gene (330000...)	2.8	2.0
ref	NM_145490.1	Mus musculus similar to zinc finger protein 97 ...	2.8	2.0
ref	NM_145528.1	Mus musculus similar to Hypothetical protein KI...	2.8	2.0
ref	NM_144546.1	Mus musculus expressed sequence AL024077 (AL024...)	2.8	2.0
ref	NM_144852.1	Mus musculus hypothetical protein MGC27672 (MGC...)	2.8	2.0
ref	NM_080467.1	Mus musculus ATPase, H+ transporting, lysosomal...	2.8	2.0
ref	NM_029813.1	Mus musculus RIKEN cDNA 2210418010 gene (221041...)	2.8	2.0
ref	NM_029583.1	Mus musculus RIKEN cDNA 2810408B13 gene (281040...)	2.8	2.0
ref	NM_001231.2	Homo sapiens calsequestrin 1 (fast-twitch, skel...)	2.8	2.0
ref	NM_020824.1	Homo sapiens Rho-GTPase activating protein 10 (...)	2.8	2.0
...	...	[以下78行略]		

7/27

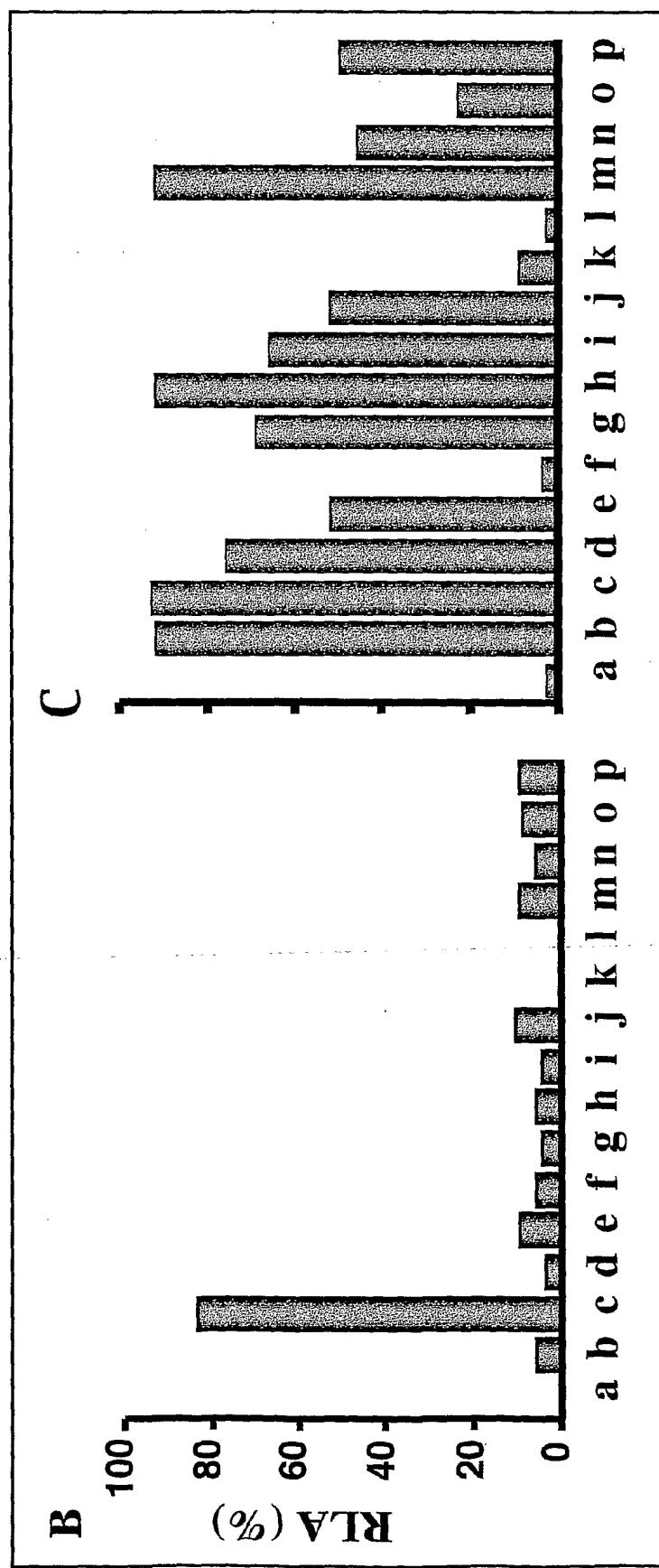
第8図

NM_000507:	36	caccctgaccgcgttcatgg	1	1	4	4	59
NM_000507:	37	accctgaccgcgttcatgga	0	1	3	0	-
NM_000507:	38	ccctgaccgcgttcatggag	0	1	3	0	-
NM_000507:	433	actgatgagccttctgagaagga	0	0	4	0	-
NM_000507:	434	ctgatgagccttctgagaaggat	0	1	3	0	-
NM_000507:	435	tgatgagccttctgagaaggatg	1	0	4	0	-
NM_000507:	436	gatgagccttctgagaaggatgc	1	0	4	0	-
NM_000507:	437	atgagccttctgagaaggatgct	0	1	4	0	-
NM_000507:	438	tgagccttctgagaaggatgctc	0	0	3	0	-
NM_000507:	439	gagccttctgagaaggatgctct	1	1	3	0	-
NM_000507:	440	agccttctgagaaggatgctctg	0	1	3	0	-
NM_000507:	441	gccttctgagaaggatgctctgc	1	1	4	4	1708
NM_000507:	442	ccttctgagaaggatgctctgca	0	0	3	0	-
NM_000507:	544	gtcaactgcttcatgctggaccc	0	1	2	0	-
NM_000507:	545	tcaactgcttcatgctggacccg	0	0	2	0	-

四九



第10図



第11回

10/27

RLA*	siRNA	G/C content (%)					Total
		OH	3'-T	M	5'-T	Total	
0.03	a	UC	U-57	20	14-U	32	
0.03	1	AG	C-43	20	29-A	32	
0.04	f	CG	G-29	80	43-U	47	
0.09	k	GG	C-100	80	14-A	63	
0.23	o	AG	G-100	60	14-A	58	
			66	52	23	46	
0.46	n	AA	G-100	60	29-A	63	
0.50	p	GG	G-100	40	29-C	58	
0.52	e	GG	G-100	20	57-A	63	
0.52	j	GG	C-29	60	100-C	68	
0.66	i	UC	U-43	80	57-U	58	
			74	52	54	62	
0.69	g	GA	U-57	60	43-G	53	
0.76	d	CU	U-71	100	29-U	63	
0.92	m	GG	C-57	60	100-C	74	
0.92	h	CG	A-43	40	86-C	58	
0.92	b	GU	U-14	20	71-G	37	
0.93	c	GU	A-29	80	100-G	63	
			45	60	72	58	

D

(base)

3' OH | 3'-T | M | 5'-T | 5' | 2' | 7 | 5 | 2 | 3' | 3'

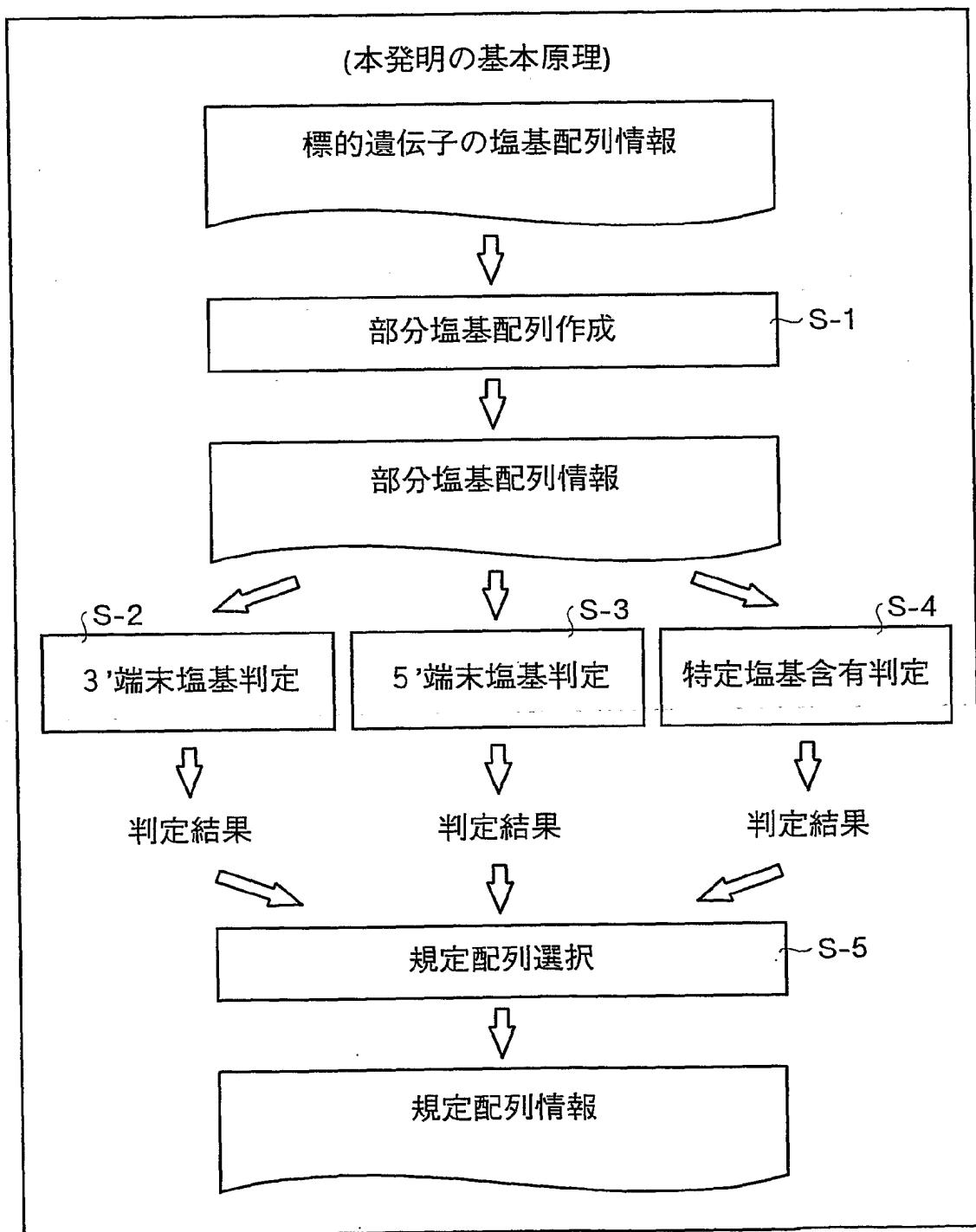
A/U rich

G/C

A/U

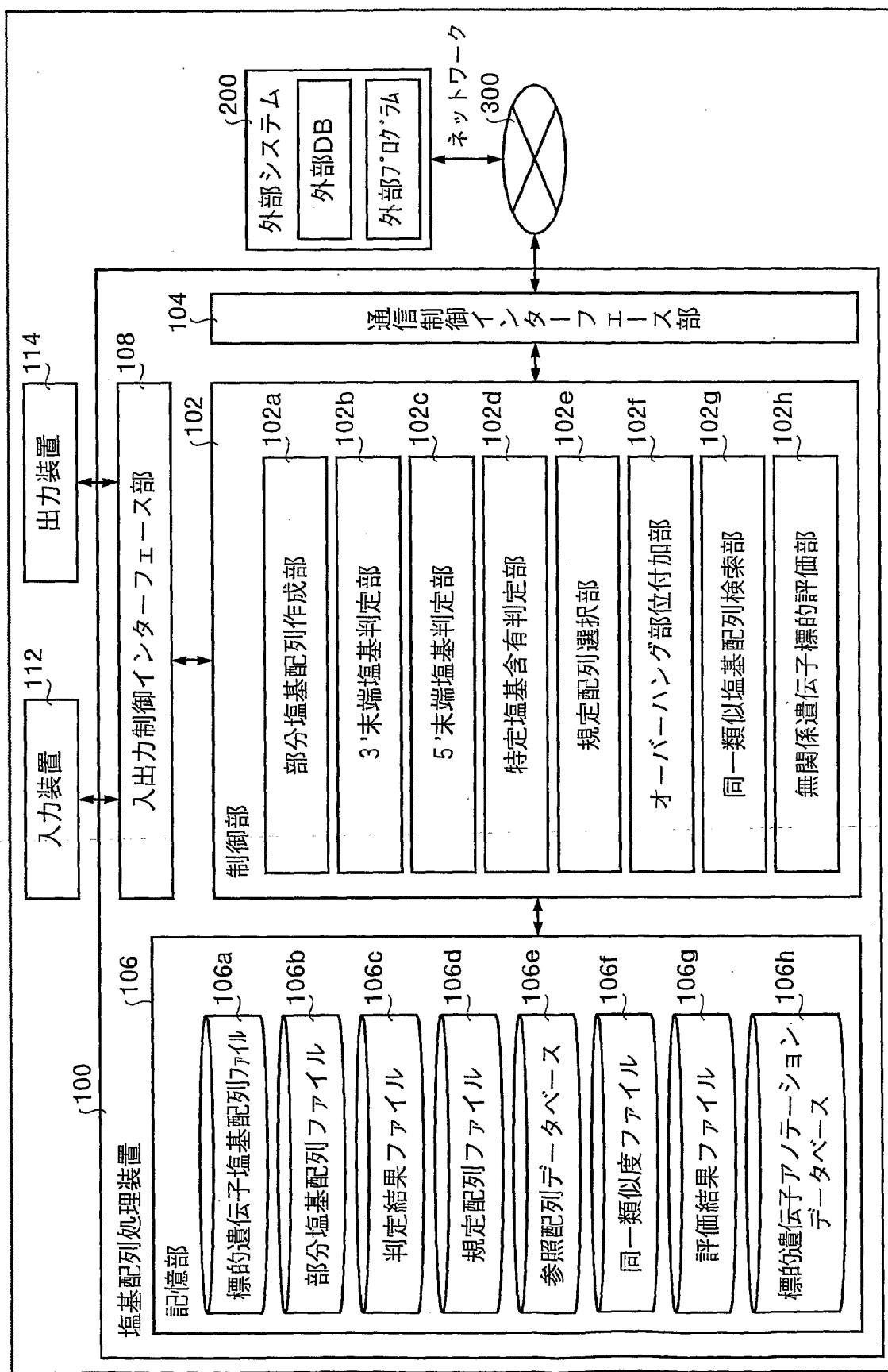
11/27

第12図



12/27

第13図



13/27

第14図

標的遺伝子塩基配列ファイル 106a	
塩基配列識別情報	塩基配列情報
NM_000507	ATGGCTGA ⋯ AGTGA
⋮	⋮

第15図

部分塩基配列ファイル 106b		
部分塩基配列 識別情報	部分塩基配列情報	オーバーハング部位 含有情報
NM_000507:36	caccct ⋯ tcatgg	含有
⋮	⋮	⋮

14/27

第16図

判定結果ファイル 106c				
部分塩基配列 識別情報	3'末端塩基判定 結果	5'末端塩基判定 結果	特定塩基含有判定 結果	総合判定結果
NM_000507:36	1	1	4	4
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

15/27

第17図

規定配列ファイル 106d	
部分塩基配列識別情報	規定配列情報
NM_000507:36	caccct ... tcatgg
⋮	⋮

第18図

参照配列データベース 106e	
参照配列識別情報	参照塩基配列情報
ref NM_015820.1	caccct ... gcatgg
⋮	⋮

16/27

第19図

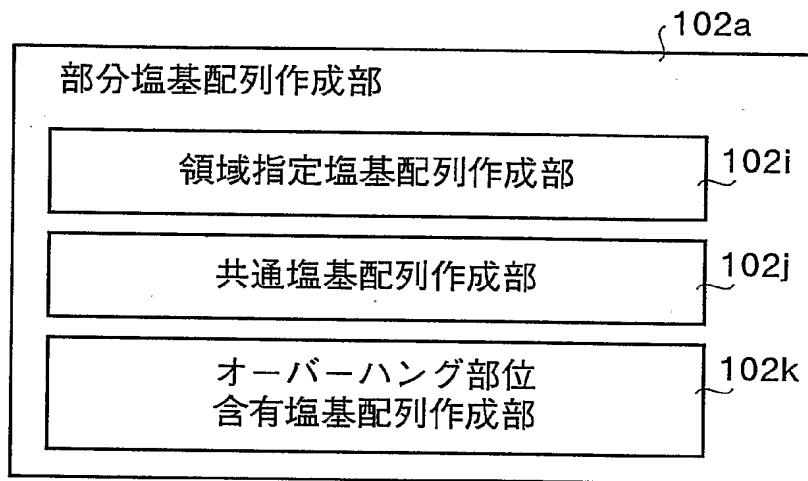
同一類似度ファイル 106f		
部分塩基配列 識別情報	規定識別情報	同一類似度
NM_000507:36	ref NM_015820.1	0.52
	ref NM_003837.1	0.52
⋮	⋮	⋮

第20図

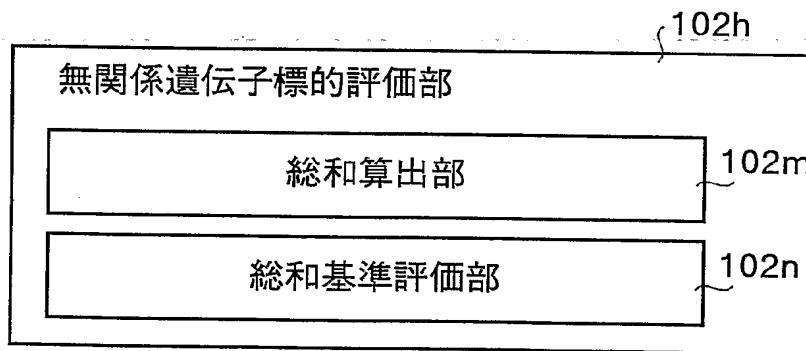
評価結果ファイル 106g		
部分塩基配列 識別情報	参照配列識別情報	評価情報
NM_000507:36	5.9	非標的
NM_000507:441	170.8	標的
⋮	⋮	⋮

17/27

第21図

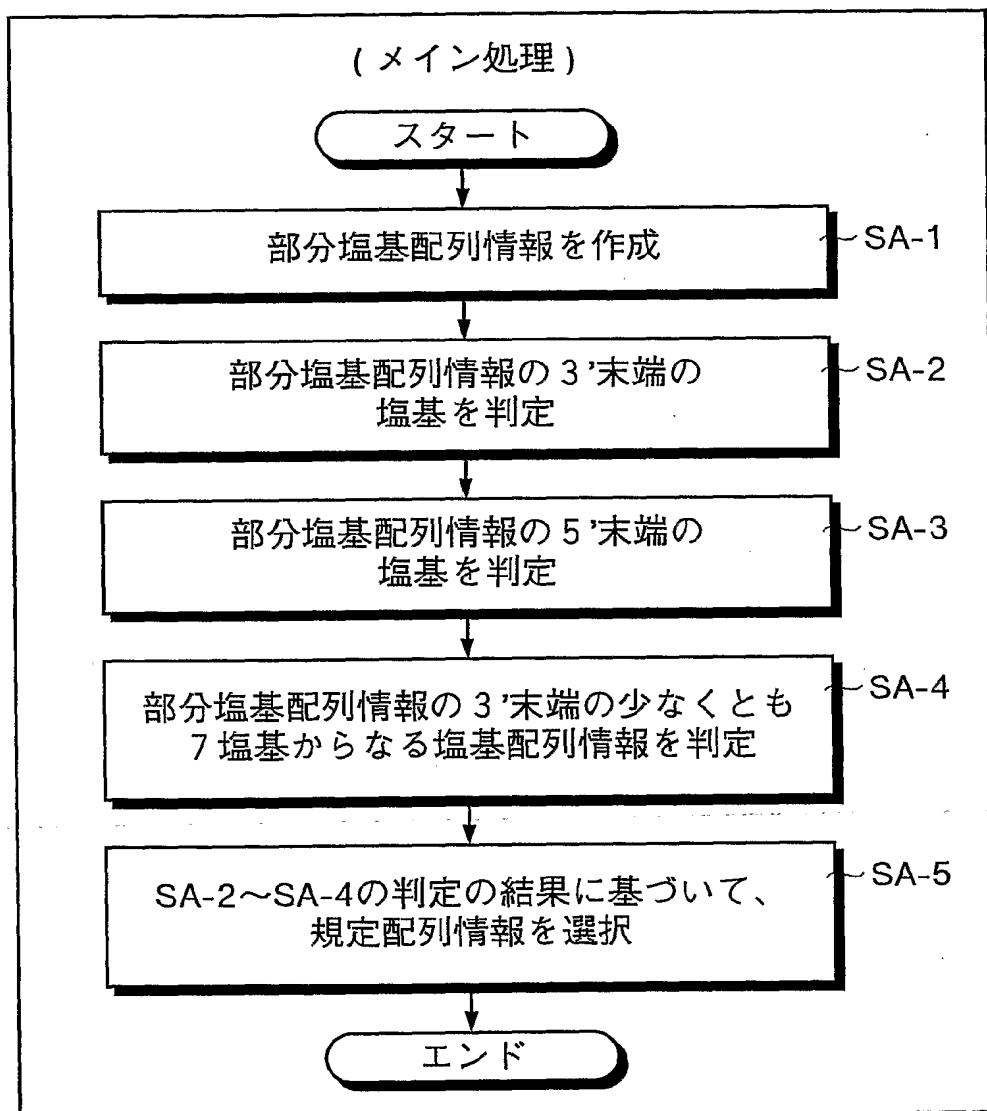


第22図



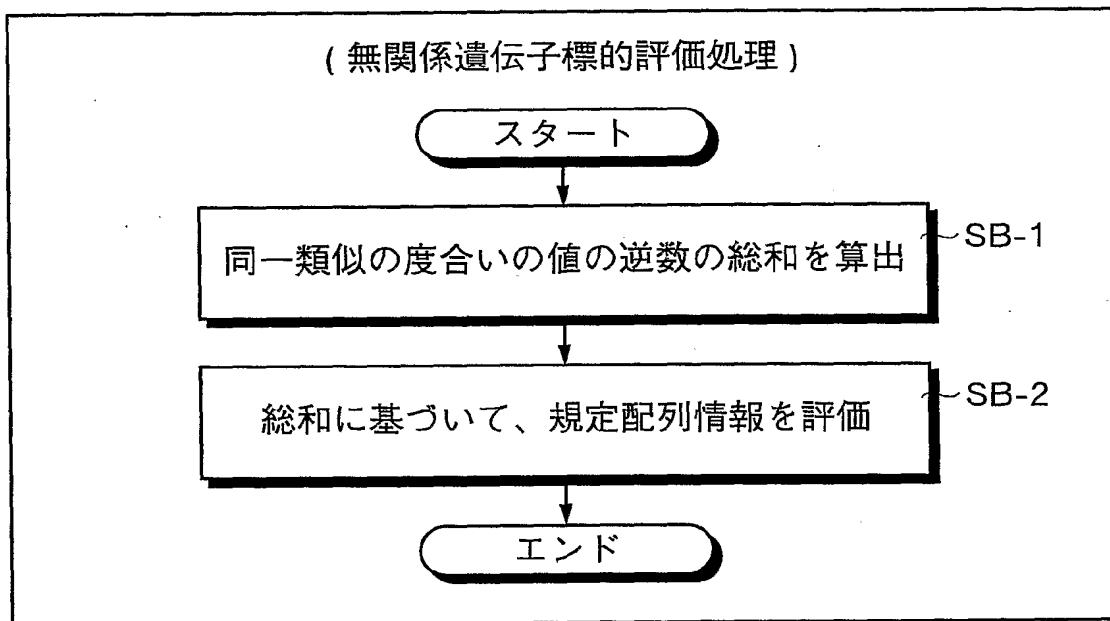
18/27

第23図

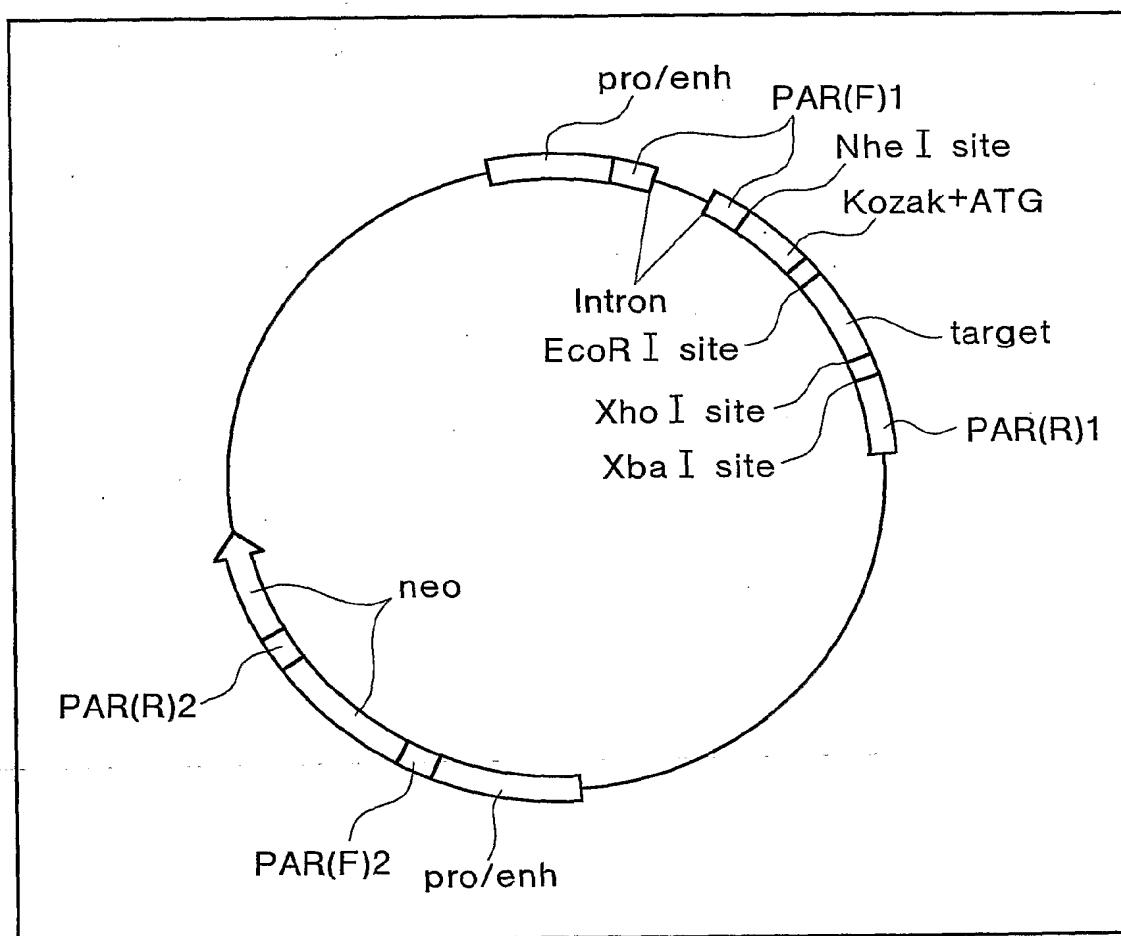


19/27

第24図

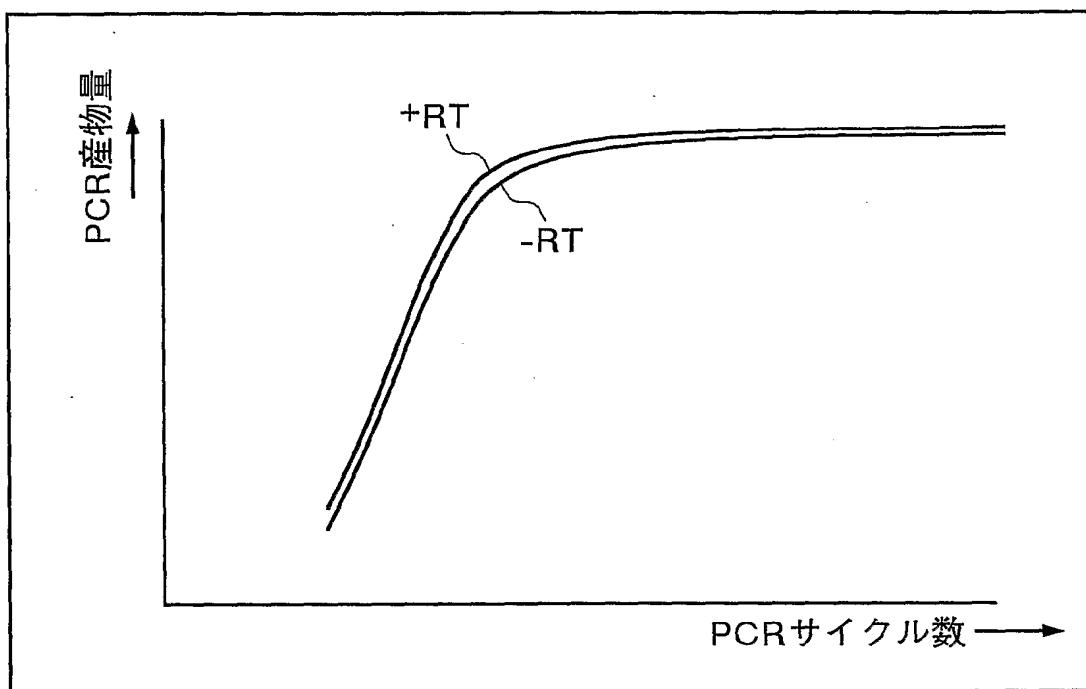


第25図

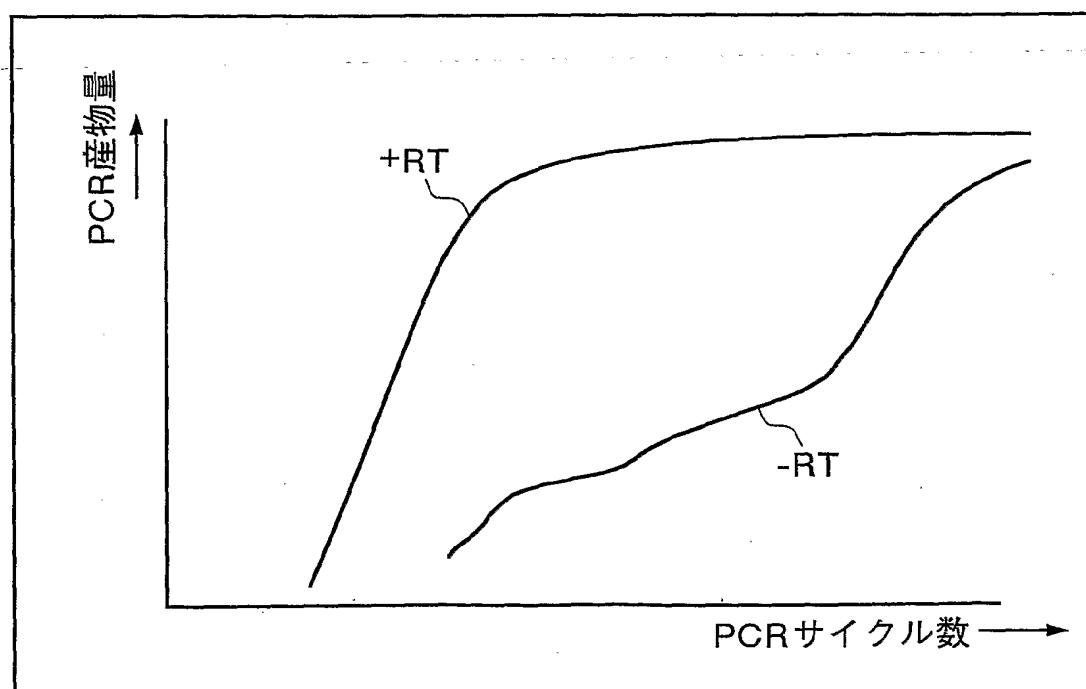


21/27

第26図



第27図



22/27

第28図

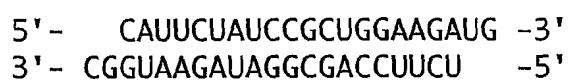
5' - aggauguuucggcgccccgggc -3',
3' - cguccuacaagccgcccgggccc -5'

第29図

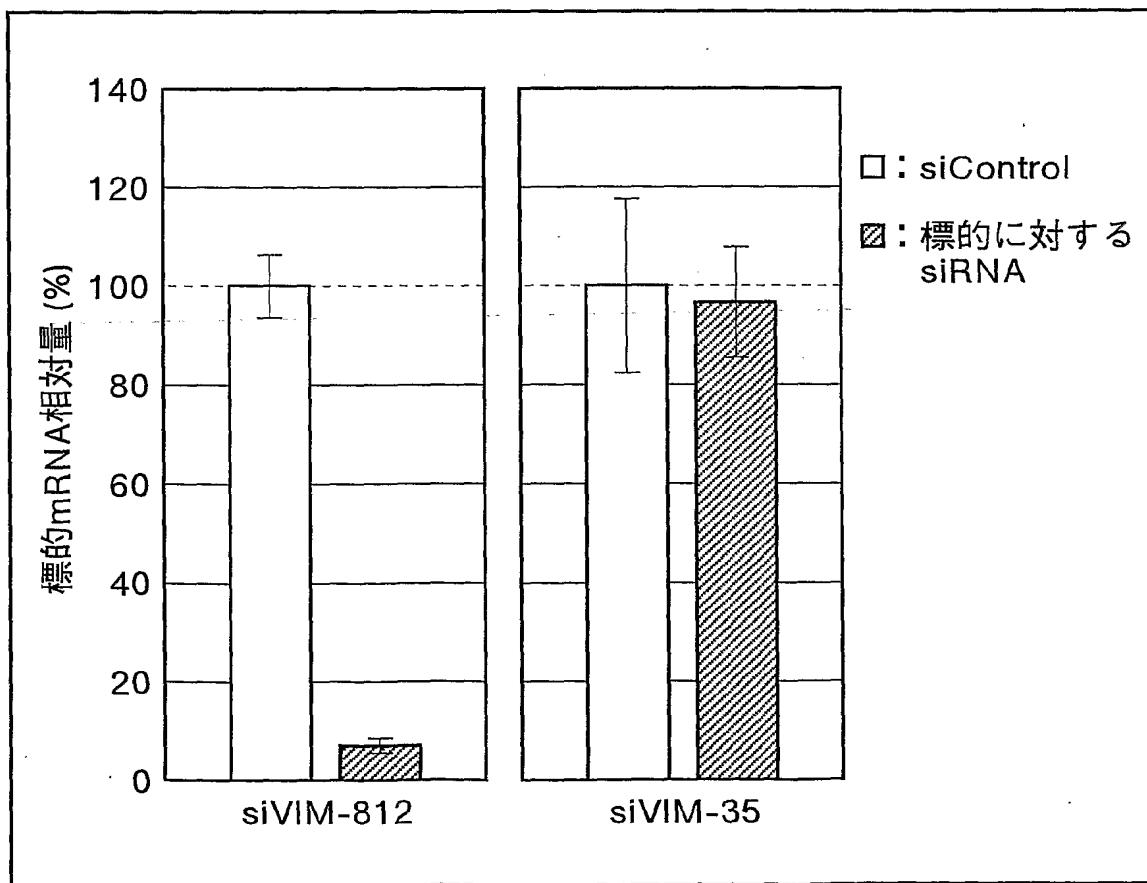
5' - guacgucagcaauuaugaaagu -3',
3' - ugcaugcagucguuaauacuuu -5'

23/27

第30図

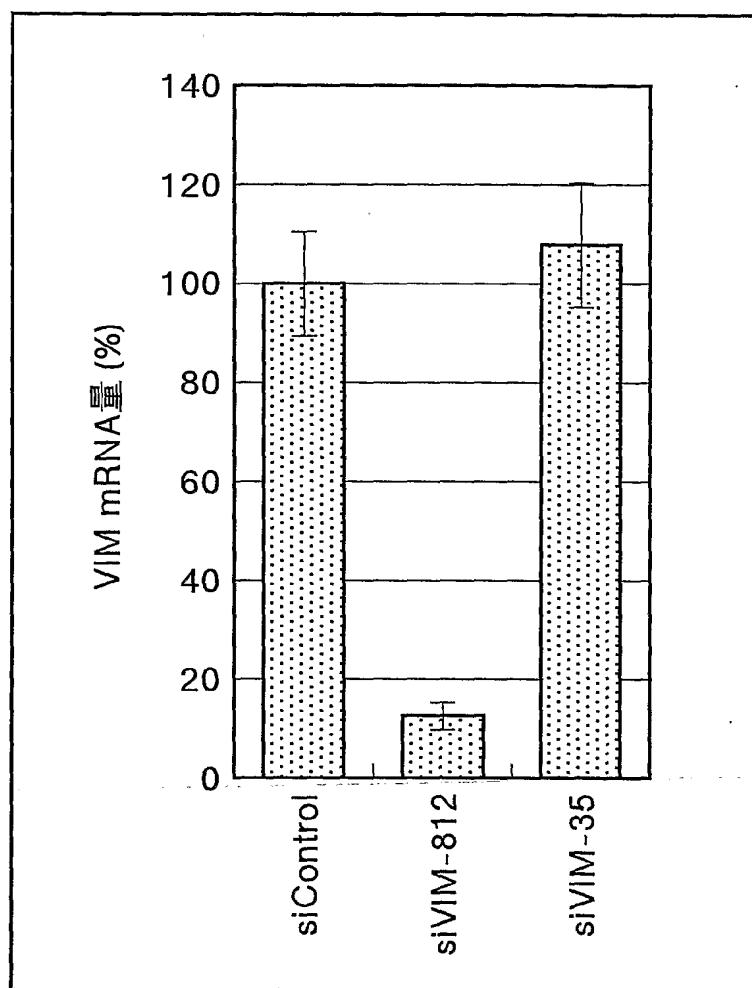


第31図

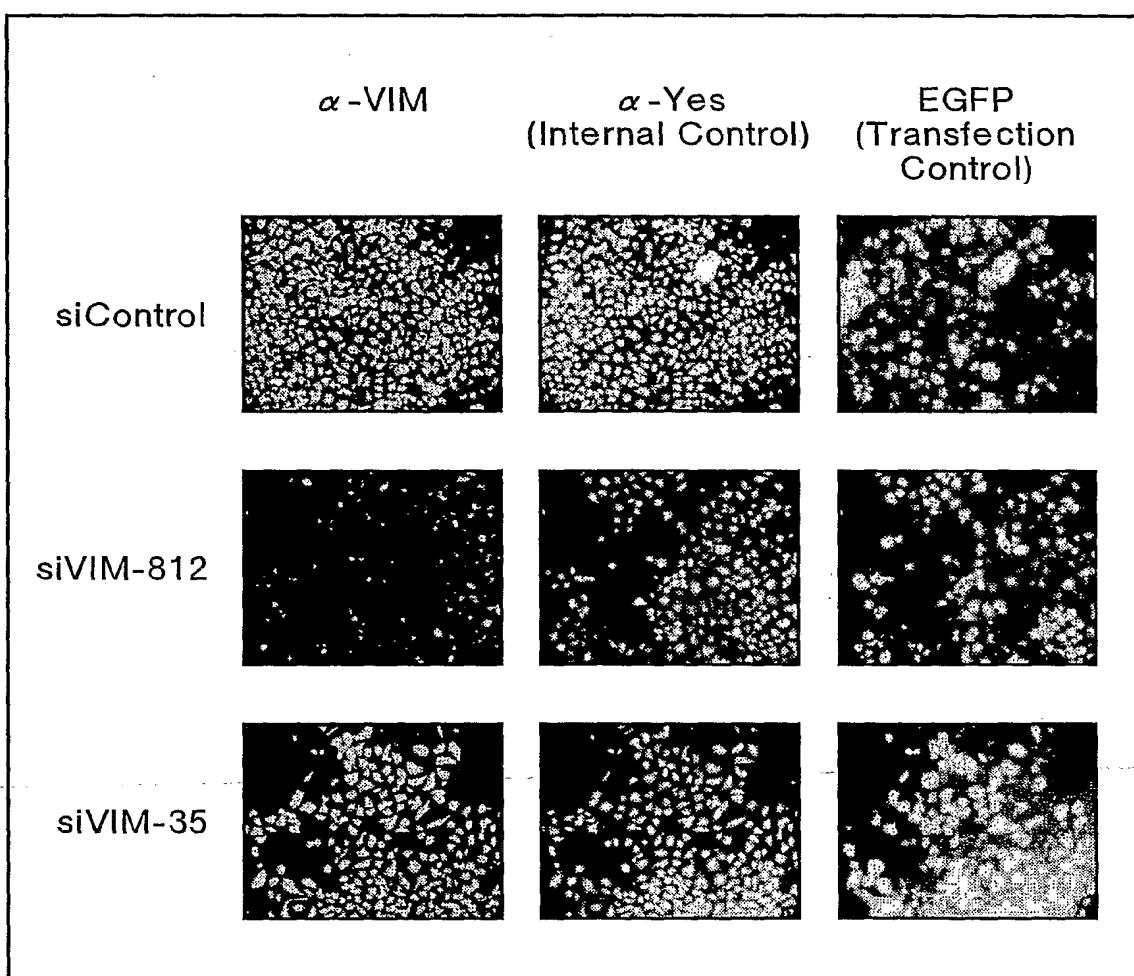


24/27

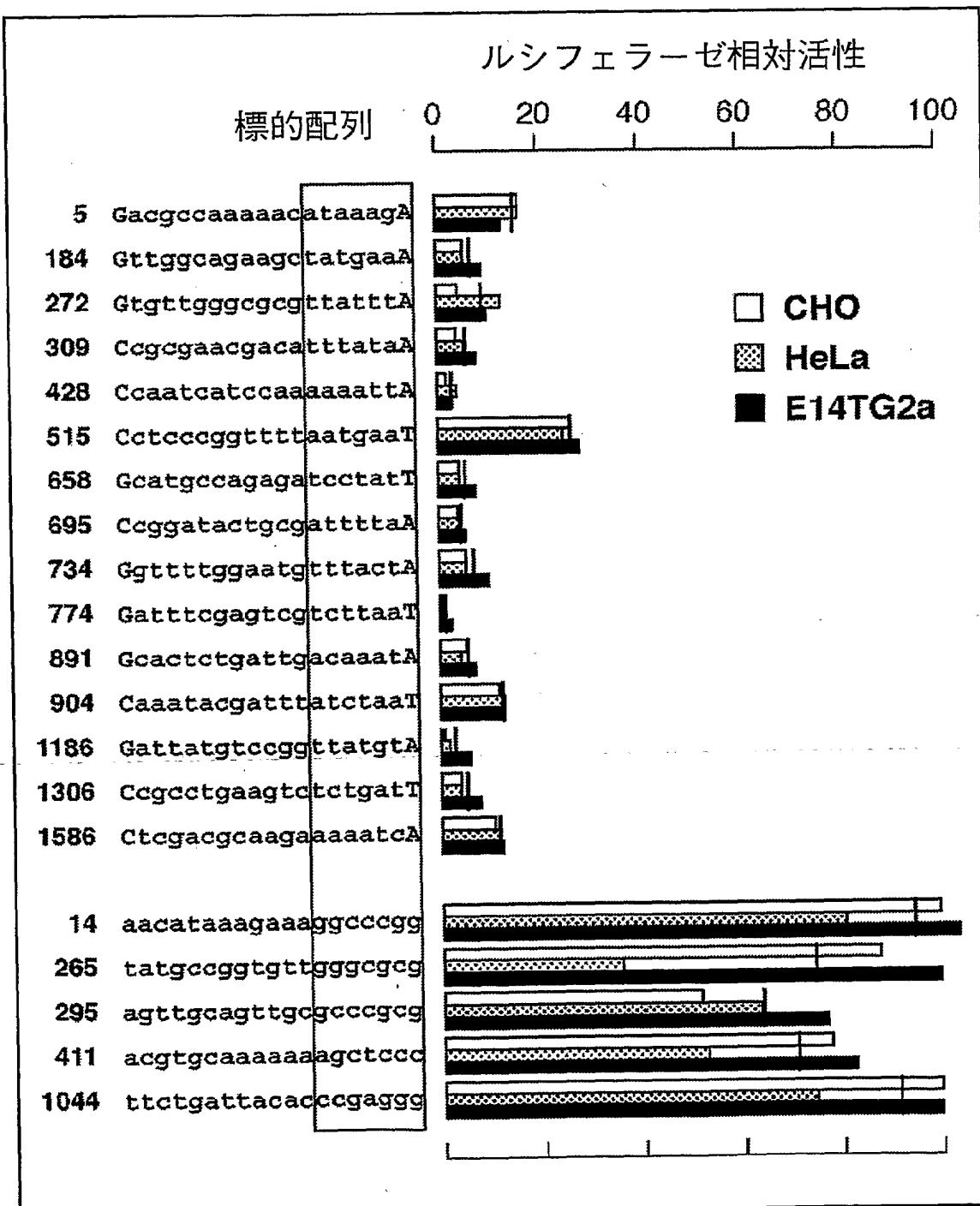
第32図



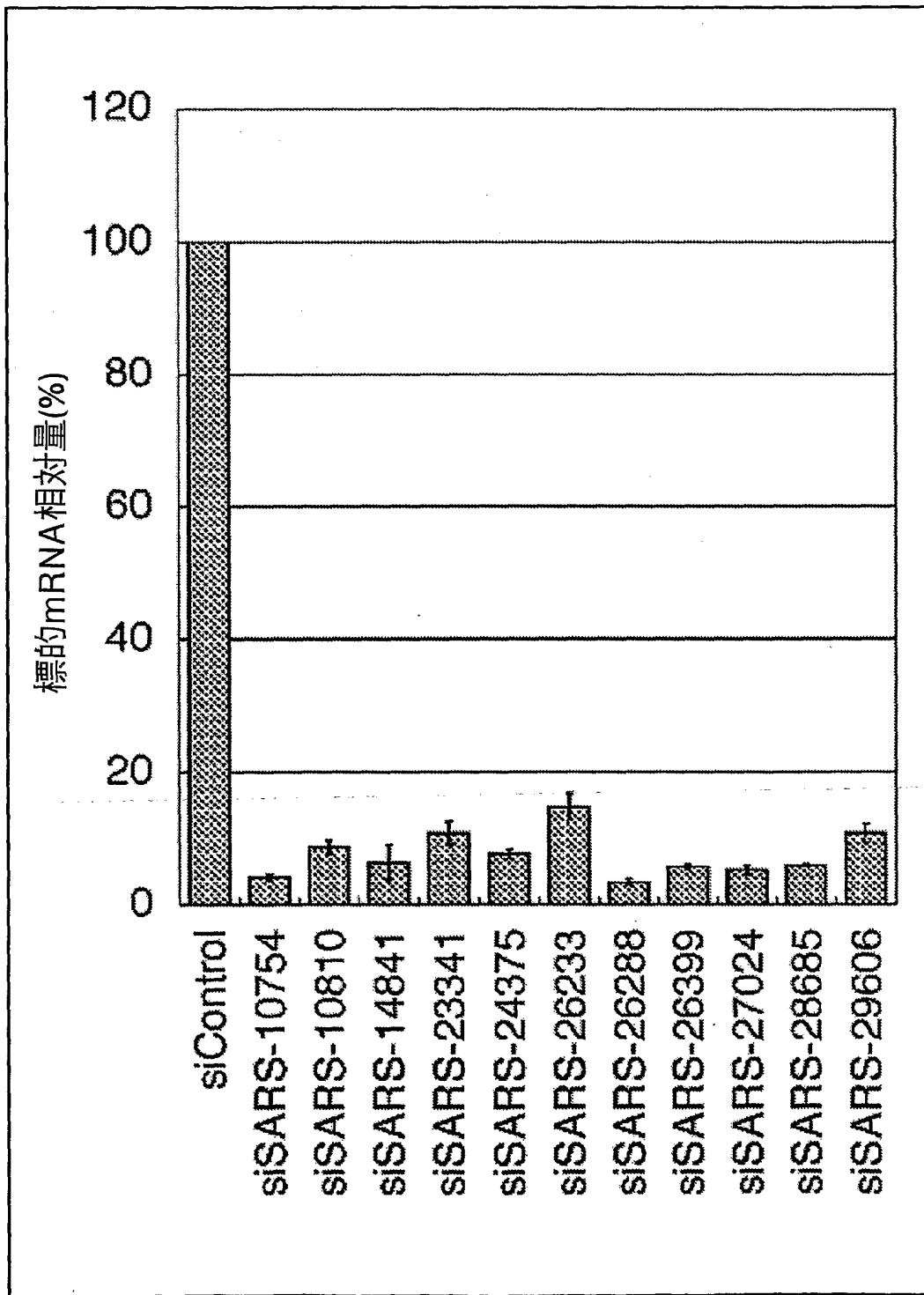
第33図



第34図



第35図



1 / 269

SEQUENCE LISTING

<110> SAIGO, Kaoru; TEI, Kumiko; NAITO, Yuki; NATORI, Yukikazu

〈120〉 RNA干渉の標的塩基配列検索方法、RNA干渉を生じさせるポリヌクレオチドの塩基配列設計方法、2本鎖ポリヌクレオチドの作製方法、遺伝子の発現抑制方法、塩基配列処理装置、塩基配列処理方法をコンピュータに実行させるプログラム、記録媒体、および、塩基配列処理システム

130 PSSA-15641

<150> JP 2002-340053

<151> 2002-11-22

〈160〉 892

<210> 1

〈211〉 37

<212> DNA

<213> Artificial

220

<223> Inventor: UI-TEI, Kumiko

220

<223> Inventor: NAITO, Yuki

〈220〉

<223> Inventor: SAIGO, Kaoru

220

<223> oligomer including Nhe I site, EcoRI site and Xho I site

<400> 1

gctagccacc atggaattca cgcgatctcgt gtctaga

37

<210> 2

<211> 18

<212> DNA

〈213〉 Artificial

2/269

<220>

<223> PCR primer T

<400> 2

aggcactggg caggtgtc

18

<210> 3

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> PCR primer T

<400> 3

tgctcgaaagc attaaccctc acta

24

<210> 4

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> PCR primer C

<400> 4

atcaggatga tctggacgaa g

21

<210> 5

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> PCR primer C

<400> 5

3/269

ctttcagca atatcacggg t

21

<210> 6
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> target sequence VIM35

<400> 6
gaattcgcag gatgttcggc ggcccgcc tcgag

35

<210> 7
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> target sequence VIM812

<400> 7
gaattcacgt acgtcagcaa tatgaaagtc tcgag

35

<210> 8
<211> 21
<212> RNA
<213> Artificial

<220>
<223> siRNA as evaluation subject; siVIM35

<400> 8
aggauguucg gcggcccgcc c

21

<210> 9

4/269

<211> 21
<212> RNA
<213> Artificial

<220>
<223> siRNA as evaluation subject; siVIM812

<400> 9
guacgucagc aauaugaaag u

21

<210> 10
<211> 21
<212> RNA
<213> Artificial

<220>
<223> Control siRNA; siControl

<400> 10
cauucuaucc gcuggaagau g

21

<210> 11
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> PCR primer VIM-F3-84

<400> 11
gagctacgtg actacgtcca

20

<210> 12
<211> 21
<212> DNA
<213> Artificial

5/269

<220>

<223> PCR primer VIM-R3-274

<400> 12

gttcttgaac tcggtgttga t

21

<210> 13

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> PCR primer ACTB-F2-481

<400> 13

cacactgtgc ccatctacga

20

<210> 14

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> PCR primer ACTB-R2-664

<400> 14

gccatcttt gctcgaagtc

20

<210> 15

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 15

6 / 269

gacgcacaaa acataaaga

19

<210> 16

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 16

gttggcagaa gctatgaaa

19

<210> 17

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 17

gtgttggcg cgttattta

19

<210> 18

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 18

ccgcgaacga catttataa

19

<210> 19

7/269

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 19

ccaatcatcc aaaaaattt

19

<210> 20

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 20

cctcccggtt ttaatgaat

19

<210> 21

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 21

gcatgccaga gatcctatt

19

<210> 22

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

8/269

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 22

ccggatactg cgatttaa

19

<210> 23

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 23

ggttttggaa tgtttacta

19

<210> 24

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 24

gatttcgagt cgtcttaat

19

<210> 25

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 25

9 / 269

gcactctgat tgacaaata

19

<210> 26

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 26

caaatacgtt ttagtcaat

19

<210> 27

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 27

gattatgtcc ggtttatgtta

19

<210> 28

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 28

ccgcctgaag tctctgatt

19

<210> 29

10 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 29

ctcgacgcaa gaaaaatca

19

<210> 30

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 30

aacataaaga aaggcccg

19

<210> 31

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 31

tatcccggtg ttgggcgc

19

<210> 32

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

11 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 32

agtgcagg ttgcggcg

19

<210> 33

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 33

acgtgcaaaa aaagctccc

19

<210> 34

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Firefly luciferase.

<400> 34

ttctgattac acccgaggg

19

<210> 35

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> Control siRNA; siControl

<400> 35

12 / 269

gggcgcggtc ggttaagtt

19

<210> 36

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 36

ggaattgccg tcttagata

19

<210> 37

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 37

gaatggcgt actatcctt

19

<210> 38

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 38

ccaagtaatc gttaacaat

19

<210> 39

13 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 39

gcttggcgca tatattcta

19

<210> 40

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 40

cctttcgcgaa cttgataaaa

19

<210> 41

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 41

gtgcgtactg ctgcaatat

19

<210> 42

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

14/269

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 42

ctactcgctt gttaaaaat

19

<210> 43

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 43

gcagacaacg gtactattat

19

<210> 44

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 44

ccggtagcaa cgacaatat

19

<210> 45

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 45

15 / 269

cgtagtcgcg gtaattcaa

19

<210> 46

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for SARS coronavirus.

<400> 46

gatcgagggt acagtgaat

19

<210> 47

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 47

gtagcaacgt ggagttcat

19

<210> 48

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 48

ggtagcaacg tggagttca

19

<210> 49

16/269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 49

caacgtggag ttcatgtgt

19

<210> 50

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 50

ggtgaatggg agcaagatt

19

<210> 51

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 51

gcaagattgg cccagacaa

19

<210> 52

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

17 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR1 (NM_000604).

<400> 52

gagttcatgt gtaaggtgt

19

<210> 53

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 53

gaggctacaa ggtacgaaa

19

<210> 54

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 54

gctacaaggt acgaaacca

19

<210> 55

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 55

18 / 269

ctggaggcctc attatggaa

19

<210> 56

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 56

aaaaaacggg aaggagttt

19

<210> 57

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 57

gcaggagcat cgcatggaa

19

<210> 58

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 58

ctttcagttt agttgagga

19

<210> 59

19/269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR2 (NM_000141).

<400> 59

cttcagttt a gttgaggat

19

<210> 60

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 60

gacggcacac cctacgtta

19

<210> 61

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 61

cacaacctcg actactaca

19

<210> 62

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

20 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 62

gcacacacgac cctgtacat

19

<210> 63

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 63

cctgcgtcggt ggagaacaa

19

<210> 64

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 64

cacacgacct gtacatgtat

19

<210> 65

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FGFR3 (NM_000142).

<400> 65

21/269

gagttccact gcaaggtgt

19

<210> 66

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB2 (NM_004448).

<400> 66

ggagaccgc tgaacaata

19

<210> 67

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB2 (NM_004448).

<400> 67

ccttcgacaa cctctatta

19

<210> 68

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB2 (NM_004448).

<400> 68

gggctggctc cgatgtatt

19

<210> 69

22/269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERBB2 (NM_004448).

<400> 69
ggctggctcc gatgtattt 19

<210> 70
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERBB2 (NM_004448).

<400> 70
ctggctccga tgtatttga 19

<210> 71
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERBB3 (NM_001982).

<400> 71
gtgctggcg tatctatat 19

<210> 72
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

23 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB3 (NM_001982).

<400> 72

gctgggcgtatctatataa

19

<210> 73

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB3 (NM_001982).

<400> 73

gcttgcctgtcgaaattta

19

<210> 74

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB3 (NM_001982).

<400> 74

cttgcctgtcgaaatttat

19

<210> 75

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB3 (NM_001982).

<400> 75

24 / 269

cattcgccca acctttaaa

19

<210> 76

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB4 (NM_005235).

<400> 76

ggagaattta cgcattatt

19

<210> 77

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB4 (NM_005235).

<400> 77

gctcaacttc gtatttga

19

<210> 78

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB4 (NM_005235).

<400> 78

ctcaaagata cctagttat

19

<210> 79

25 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB4 (NM_005235).

<400> 79

ctcaacttcg tattttgaa

19

<210> 80

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERBB4 (NM_005235).

<400> 80

ctgacagtag acctaaatt

19

<210> 81

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 81

ctcaggggaca gtatgattt

19

<210> 82

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

26 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 82

cagaatacgc catcaataa

19

<210> 83

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 83

gatgcggata aataatgtt

19

<210> 84

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 84

ggatgcggat aaataatgt

19

<210> 85

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 85

27 / 269

ctttcagaac cttattgaa

19

<210> 86

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 86

cagctacaag cgatataatt

19

<210> 87

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 87

caattgaaac cgataagga

19

<210> 88

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK1 (NM_002227).

<400> 88

gggttctcg ggatacggtt

19

<210> 89

28 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 89

ctggtcggcg taatctaaa

19

<210> 90

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 90

gtcggcgta atctaaaat

19

<210> 91

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 91

gtcggcgtaa tctaaaatt

19

<210> 92

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

29 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 92

ggaattttagt cgtatgatt

19

<210> 93

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 93

ctgttcgctc agacaatat

19

<210> 94

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 94

ggaaacggtg gaattcagt

19

<210> 95

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 95

30 / 269

ctggaaacgg tggaattca

19

<210> 96

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK2 (NM_004972).

<400> 96

gattttgca accattata

19

<210> 97

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK3 (NM_000215).

<400> 97

gtcattcgtag acctaata

19

<210> 98

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for JAK3 (NM_000215).

<400> 98

gaccggctag cccacaata

19

<210> 99

31 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for JAK3 (NM_000215).

<400> 99
cccgctagcc cacaataca

19

<210> 100
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for JAK3 (NM_000215).

<400> 100
ccatggtgca ggaatttgt

19

<210> 101
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for JAK3 (NM_000215).

<400> 101
catgtatctg cgaaaacgt

19

<210> 102
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

32 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 102

gcctgaagga gtataagtt

19

<210> 103

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 103

cggaccctac ggtttcca

19

<210> 104

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 104

ctatatttcc gcataagg

19

<210> 105

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 105

33 / 269

ccacaaggcgc tatttgaaa

19

<210> 106

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 106

cacaaggcgt atttgaaaa

19

<210> 107

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYK2 (NM_003331).

<400> 107

gaactggcat ggcataat

19

<210> 108

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 108

gaggccgagc gcaaacttt

19

<210> 109

34 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 109

ggtagcacc cgaatgcat

19

<210> 110

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 110

gagctctgcg agttctact

19

<210> 111

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 111

gacacgagcg tgtatgaga

19

<210> 112

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

35 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 112

cggcactacg ccaagatca

19

<210> 113

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ZAP70 (NM_001079).

<400> 113

ggagctatgg ggtcaccat

19

<210> 114

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 114

ctgttcggag gcttcaact

19

<210> 115

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 115

36 / 269

ggtggcctac tactccaaa

19

<210> 116

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 116

gggagtcaga gcggttact

19

<210> 117

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 117

cagagcggtt actgctcaa

19

<210> 118

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 118

cagtgtctga cttcgacaa

19

<210> 119

37 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRC (NM_005417).

<400> 119

cctcccgcac ccagttcaa

19

<210> 120

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 120

cagcgacatg attaaacat

19

<210> 121

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 121

gttattaaggc actacaaaaa

19

<210> 122

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

38 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 122

gtatcagcga catgattaa

19

<210> 123

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 123

ggatgggtta ctataacaa

19

<210> 124

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 124

gaagccatgg gataaagat

19

<210> 125

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for LYN (NM_002350).

<400> 125

39 / 269

gcactacaaa attagaagt

19

<210> 126

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 126

cactctaagc ataactaaa

19

<210> 127

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 127

gagggcgtgt ggaagaaat

19

<210> 128

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 128

ccgggtctta ggctataat

19

<210> 129

40 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 129
gggtcttagg ctataatca

19

<210> 130
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 130
catctcgctg agatacga

19

<210> 131
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 131
ggccagtgga gataacact

19

<210> 132
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

41 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 132

gcctggccta caacaagtt

19

<210> 133

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL1 (NM_005157).

<400> 133

gtgtccccca actacgaca

19

<210> 134

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL2 (NM_005158).

<400> 134

ctcaaactcg caacaaatt

19

<210> 135

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL2 (NM_005158).

<400> 135

42 / 269

cctcaaactc gcaacaaat

19

<210> 136

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL2 (NM_005158).

<400> 136

ctaaggttt tgaacctat

19

<210> 137

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL2 (NM_005158).

<400> 137

gctcagcagt ctaatcaat

19

<210> 138

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ABL2 (NM_005158).

<400> 138

caggcccgctg agaaaatct

19

<210> 139

43 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK1 (NM_004071).

<400> 139

ccaggaaacg taaatattt

19

<210> 140

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK1 (NM_004071).

<400> 140

catttcgact ggatcatat

19

<210> 141

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK1 (NM_004071).

<400> 141

cagggaaacgt aaatatttt

19

<210> 142

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

44/269

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK1 (NM_004071).

<400> 142

ctttggtagt gcaacatat

19

<210> 143

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK1 (NM_004071).

<400> 143

cgtactaagt gcaagatat

19

<210> 144

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK2 (NM_001291).

<400> 144

gtatgaccgg cgatactgt

19

<210> 145

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK2 (NM_001291).

<400> 145

45 / 269

gctacagacg caacgatta

19

<210> 146

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK2 (NM_001291).

<400> 146

ctacagacgc aacgattat

19

<210> 147

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK2 (NM_001291).

<400> 147

ggagttaccg tgaacacta

19

<210> 148

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK2 (NM_001291).

<400> 148

gagttaccgt gaacactat

19

<210> 149

46 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 149
gccgtacagcgatacata

19

<210> 150
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 150
cctacagtgcggaaacatga

19

<210> 151
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 151
ctacagtgcggaaacatgaa

19

<210> 152
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

47 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 152

cgccgtgaca gcgatacat

19

<210> 153

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 153

gcctccccca cgaagatct

19

<210> 154

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK3 (NM_001292).

<400> 154

ggtaaggca ctttggca

19

<210> 155

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 155

48 / 269

gtattagagc acttaaata

19

<210> 156

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 156

gaaaacgcaa gtatttca

19

<210> 157

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 157

cctggttcga agaatgtta

19

<210> 158

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 158

cttgaatgag cgagattat

19

<210> 159

49 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 159

cagatctgcc agtcaataa

19

<210> 160

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 160

cgttctaaga gcaagatat

19

<210> 161

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 161

caaagtggag acgttctaa

19

<210> 162

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

50 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CLK4 (NM_020666).

<400> 162

ctaagagcaa gataatgaaa

19

<210> 163

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 163

gtccgattgc gttatttct

19

<210> 164

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 164

gctagatcac tgtaacata

19

<210> 165

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 165

51 / 269

gacgctccct gtgatttat

19

<210> 166

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 166

cccaatgttt cgtatatct

19

<210> 167

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 167

cgaggagaac ccaatgttt

19

<210> 168

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 168

gtatatcaag ccaaacttt

19

<210> 169

52 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 169

catttggtgt ggtatatca

19

<210> 170

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for GSK3B (NM_002093).

<400> 170

ggtatatcaa gccaaactt

19

<210> 171

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRPK2 (NM_182691).

<400> 171

gccaaatgga cgacataaa

19

<210> 172

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

53 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for SRPK2 (NM_182691).

<400> 172

ccaaatggac gacataaaa

19

<210> 173

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRPK2 (NM_182691).

<400> 173

caaatggacg acataaaaat

19

<210> 174

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRPK2 (NM_182691).

<400> 174

ctgatcccgta tgtagaaaa

19

<210> 175

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SRPK2 (NM_182691).

<400> 175

54 / 269

ggccggatc atgttatta

19

<210> 176

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 176

ggccgtacga ccgtattct

19

<210> 177

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 177

gcgtctgata cgccaaaat

19

<210> 178

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 178

cccacgacct cgtctactt

19

<210> 179

55 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 179

caaacagcgg cgtctgata

19

<210> 180

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 180

gagaaaatcgccaaacttct

19

<210> 181

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 181

ctcgtctact tcgagaaaat

19

<210> 182

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

56 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT1 (NM_005430).

<400> 182

gacctcggtct acttcgaga

19

<210> 183

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 183

gggtgatgtg cgataatgt

19

<210> 184

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 184

ggaaaacggg cgattatct

19

<210> 185

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 185

57 / 269

gctaacgaga gtttaaga

19

<210> 186

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 186

ctaacgagag gtttaagaa

19

<210> 187

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 187

ggtcctactc cgaagtgt

19

<210> 188

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 188

gacctcgatc attttgaga

19

<210> 189

58 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 189
gaaaaatgac ctcgtgtat

19

<210> 190
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT2 (NM_003391).

<400> 190
cgaaaaatga cctcgtgta

19

<210> 191
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 191
ctgggcgcaa gcatcatct

19

<210> 192
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

59 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 192

gttcacccatc gcccatcatt

19

<210> 193

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 193

gccccggactc tcatgaact

19

<210> 194

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 194

gcttgcgc aa ggttttgt

19

<210> 195

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 195

60 / 269

cctggacgag tgtcagttt

19

<210> 196

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 196

gacgagtgta agtttcagt

19

<210> 197

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT7A (NM_004625).

<400> 197

catcatcgta ataggagaa

19

<210> 198

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 198

gatcccaaggc caataaact

19

<210> 199

61 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 199
gacagctgcg accttatgt

19

<210> 200
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 200
gcgacagctg cgacacctat

19

<210> 201
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 201
ccggcggtgtc ctatggcat

19

<210> 202
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

62 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 202

gttgctatg gcatcaagt

19

<210> 203

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 203

ctgatgcgtc tacacaaca

19

<210> 204

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT11 (NM_004626).

<400> 204

gatgcgtcta cacaacagt

19

<210> 205

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 205

63 / 269

gctgtgactc gcatcataa

19

<210> 206

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 206

ctgacttcgg cgtgttagt

19

<210> 207

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 207

gacttcggcg tgtagtgt

19

<210> 208

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 208

gaccggactt gcaatgtca

19

<210> 209

64 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 209

ctcgctggct acccaattt

19

<210> 210

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3 (NM_030753).

<400> 210

gctggctacc caatttggt

19

<210> 211

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 211

gccccactcg gatacttct

19

<210> 212

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

65 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 212

ccccactcg~~g~~ atacttctt

19

<210> 213

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 213

cccactcg~~g~~ga tacttctt~~a~~

19

<210> 214

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 214

gctgttgggc cacagtatt

19

<210> 215

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 215

66 / 269

gaggcctcgccaaacttct

19

<210> 216

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 216

ggaaactaagt ggagatcat

19

<210> 217

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 217

ggcagctacc cgatctgggt

19

<210> 218

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT3A (NM_033131).

<400> 218

gcaggaacta cgtggagat

19

<210> 219

67 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 219

gtggtcgctta ggtatgaat

19

<210> 220

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 220

ggtcgctagg tatgaataa

19

<210> 221

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 221

ggataaacacc tctgtttt

19

<210> 222

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

68 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 222

ccttcgcccc ggttgaat

19

<210> 223

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 223

cttggtggtc gcttaggtat

19

<210> 224

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 224

ccaactggca ggactttct

19

<210> 225

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 225

69 / 269

gttcagatgt cagaagtat

19

<210> 226

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for WNT5A (NM_003392).

<400> 226

gtatgaataa ccctgttca

19

<210> 227

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 227

cgaaacattc cgtgattaa

19

<210> 228

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 228

ctcgtgaaga gcataactt

19

<210> 229

70 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 229

ggaccgagtg actactata

19

<210> 230

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 230

gttgcacatcac ccatatttt

19

<210> 231

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 231

cactgcaaggc tgtaaattt

19

<210> 232

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

71 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL1 (NM_004196).

<400> 232

gatgaccctg tcataaaga

19

<210> 233

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 233

gatcagctat atcatatttta

19

<210> 234

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 234

ccatcaggca tttataaca

19

<210> 235

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 235

72 / 269

catcaggcat ttataacat

19

<210> 236

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 236

ctgaagtgg t gatagattt

19

<210> 237

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 237

cagctatatac atatttatga

19

<210> 238

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 238

gattattaaat ggaatttggaa

19

<210> 239

73 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDKL2 (NM_003948).

<400> 239
ggtagaggat accaatgct

19

<210> 240
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 240
gagctcccgaa attagatt

19

<210> 241
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 241
gctcccgaaat tagtattaa

19

<210> 242
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

74 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 242

cacccatcaa tctaactaa

19

<210> 243

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 243

cttaactaaca gtaatttga

19

<210> 244

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 244

ctccccgaatt agtattaaa

19

<210> 245

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 245

75 / 269

gttcatgctt gtttacaaa

19

<210> 246

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 246

ctttgggctg tatgatcat

19

<210> 247

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDKL3 (NM_016508).

<400> 247

gcagatatacg ttcatgctt

19

<210> 248

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 248

gaagacctga attgtataa

19

<210> 249

76 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 249
caaccatcgaaatgaa

19

<210> 250
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 250
ccaaagctcttggacttatt

19

<210> 251
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 251
gacctgaattttgtataataa

19

<210> 252
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

77 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 252

gttgctctg cittatgata

19

<210> 253

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 253

cttactgcgc ttcagacat

19

<210> 254

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 254

gcttcagaca tgagaacat

19

<210> 255

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK1 (NM_002745).

<400> 255

78 / 269

ctgcgcttca gacatgaga

19

<210> 256

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 256

gagtagcgct caaaaagat

19

<210> 257

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 257

gcgctaaggc acatatact

19

<210> 258

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 258

ctactaggac gaagaatat

19

<210> 259

79 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 259

ctccacacat tgactattt

19

<210> 260

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 260

gattttgcga ggttgaaa

19

<210> 261

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 261

gtccgacagg ttaaagaaaa

19

<210> 262

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

80 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for NLK (NM_016231).

<400> 262

ccgacaggtt aaagaatt

19

<210> 263

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 263

ctccgaggtc taaagtata

19

<210> 264

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 264

ccgagggtcta aagtatata

19

<210> 265

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 265

81 / 269

ggtcgttgttgg acgtttta

19

<210> 266

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 266

ctgcggttac ttaaacata

19

<210> 267

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 267

gagggtctaaa gtatataca

19

<210> 268

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK14 (NM_001315).

<400> 268

gtttcctgggt acagaccat

19

<210> 269

82 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK11 (NM_002751).

<400> 269

gcgacgagca cgttcaatt

19

<210> 270

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK11 (NM_002751).

<400> 270

cccgggaaaggc gactacatt

19

<210> 271

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK11 (NM_002751).

<400> 271

cgggaaaggcga ctacattga

19

<210> 272

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

83 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK11 (NM_002751).

<400> 272

gagggttctgg caaaaaatct

19

<210> 273

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK11 (NM_002751).

<400> 273

ctgagggttct ggcaaaaaat

19

<210> 274

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK12 (NM_002969).

<400> 274

gaagcgtgtt acttacaaa

19

<210> 275

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK12 (NM_002969).

<400> 275

84 / 269

gctgctggac gtattcact

19

<210> 276

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK12 (NM_002969).

<400> 276

ggaagcggt tacttacaa

19

<210> 277

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK12 (NM_002969).

<400> 277

cccgagggtca tcttgaatt

19

<210> 278

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK12 (NM_002969).

<400> 278

gaatggaagc gtgttactt

19

<210> 279

85 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK13 (NM_002754).

<400> 279

ctgagccgac cctttcagt

19

<210> 280

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK13 (NM_002754).

<400> 280

cctttcagtc cgagatctt

19

<210> 281

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK13 (NM_002754).

<400> 281

ccttagaaca cgagaaact

19

<210> 282

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

86 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK13 (NM_002754).

<400> 282

ccctgcgcaa cttcttatga

19

<210> 283

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK13 (NM_002754).

<400> 283

ctgcgcaact tctatgact

19

<210> 284

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 284

gacttaaaggc ccagtaata

19

<210> 285

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 285

87 / 269

gagagctagt tcttatgaa

19

<210> 286

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 286

cttaaagccc agtaatata

19

<210> 287

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 287

caggaacgag ttttatgat

19

<210> 288

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 288

gcaggaacga gtttatga

19

<210> 289

88 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK8 (NM_139049).

<400> 289

gaaatcccta gaagaattt

19

<210> 290

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK9 (NM_002752).

<400> 290

gtttgtgctg catttgata

19

<210> 291

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK9 (NM_002752).

<400> 291

gagcttatacg tgaacttgt

19

<210> 292

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

89 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK9 (NM_002752).

<400> 292

gccagagatc tgttatcaa

19

<210> 293

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK9 (NM_002752).

<400> 293

ccagagatct gttatcaaa

19

<210> 294

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK9 (NM_002752).

<400> 294

cagagatctg ttatcaaaa

19

<210> 295

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 295

90 / 269

gtgggtgacac gttattaca

19

<210> 296

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 296

cggaactccga gcacaataa

19

<210> 297

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 297

ggactccgag cacaataaa

19

<210> 298

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 298

gtggaataag gtaattgaa

19

<210> 299

91 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 299

ctaaaaatgg tgttagtaaa

19

<210> 300

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 300

ggaaagaact tatctacaa

19

<210> 301

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 301

gtagtcaagt ctgattgca

19

<210> 302

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

92 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPK10 (NM_002753).

<400> 302

gaaatggttc gccacaaaa

19

<210> 303

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 303

gatttgctct cgaaaatgt

19

<210> 304

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 304

ctctcgaaaa tgttaatct

19

<210> 305

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 305

93 / 269

gggcactccc aataatgaa

19

<210> 306

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 306

ctttacagga ctataagaa

19

<210> 307

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 307

gagtataggc accatattt

19

<210> 308

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDC2 (NM_001786).

<400> 308

gacaatcaga ttaagaaga

19

<210> 309

94 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDK2 (NM_001798).

<400> 309
ctctacctgg ttttgaat

19

<210> 310
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDK2 (NM_001798).

<400> 310
cttctatgcc tgattacaa

19

<210> 311
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CDK2 (NM_001798).

<400> 311
gatggacgga gcttgttat

19

<210> 312
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

95 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK2 (NM_001798).

<400> 312

ctacctggtt tttgaattt

19

<210> 313

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK2 (NM_001798).

<400> 313

gcacgtacgg agtttgtta

19

<210> 314

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_000075).

<400> 314

cctatgggac agtgtacaa

19

<210> 315

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_000075).

<400> 315

96 / 269

gatgttcgt cgaaaggct

19

<210> 316

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_000075).

<400> 316

cgtgagggtgg ctttactga

19

<210> 317

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_000075).

<400> 317

ggtgtcggtg cctatggga

19

<210> 318

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_000075).

<400> 318

cgaactgacc gggagatca

19

<210> 319

97 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_052984).

<400> 319

gaccgggaga tcaagagat

19

<210> 320

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK4 (NM_052984).

<400> 320

cgggagatca agagatgtt

19

<210> 321

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 321

ggacataaat ctaatatta

19

<210> 322

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

98 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 322

caaattgtcg ccattaaga

19

<210> 323

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 323

ccccaaataga gcttataca

19

<210> 324

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 324

cgggcaaagc gttatgaga

19

<210> 325

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 325

99 / 269

gggcaaagcg ttatgagaa

19

<210> 326

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CDK7 (NM_001799).

<400> 326

cctacatgtt gatgactct

19

<210> 327

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 327

ggaggttacg gcacaaaaaa

19

<210> 328

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 328

gaggttacgg cacaat

19

<210> 329

100 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 329

ggttacggca caaaaatgt

19

<210> 330

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 330

cccaaggccg tgtgtatga

19

<210> 331

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 331

ccaaaggccgt gtgtatgaa

19

<210> 332

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

101 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for STK11 (NM_000455).

<400> 332

cagctggttc cggaagaaa

19

<210> 333

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 333

cagtatttcg gtataataa

19

<210> 334

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 334

gcatggatt ggaataact

19

<210> 335

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 335

102 / 269

gcccctcata cattgataa

19

<210> 336

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 336

ccacatgtcc tgatcatat

19

<210> 337

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 337

ggcaatatcc aatatttat

19

<210> 338

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 338

ggtcctgtgg aatagtact

19

<210> 339

103 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 339

gaaaggata acctcaaaaa

19

<210> 340

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK1 (NM_001274).

<400> 340

ctgtggata gtacttact

19

<210> 341

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 341

ggccaacctt cgaagaaat

19

<210> 342

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

104 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 342

cgatgggacc cgagtgtat

19

<210> 343

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 343

gatgggaccc gagtgtata

19

<210> 344

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 344

ggtttctccg gcgtcatta

19

<210> 345

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 345

105 / 269

caaccitcga agaaatcca

19

<210> 346

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 346

ccctggagtc gcagtagcca

19

<210> 347

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM1 (NM_002648).

<400> 347

gtggagaagg accggattt

19

<210> 348

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM2 (NM_006875).

<400> 348

ggggacatcc ccttgaga

19

<210> 349

106 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM2 (NM_006875).

<400> 349

ctcgaagtgcg cactgctat

19

<210> 350

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM2 (NM_006875).

<400> 350

gaagtcgcac tgcttatgga

19

<210> 351

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM2 (NM_006875).

<400> 351

gaacatccctg atagaccta

19

<210> 352

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

107 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PIM2 (NM_006875).

<400> 352

gtggagttgt ccatcgtga

19

<210> 353

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 353

cttgtatcgaaataactt

19

<210> 354

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 354

gaagagttgt cgtctataa

19

<210> 355

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 355

108 / 269

gtatcggaa atacttatt

19

<210> 356

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 356

ctcaagctgc ggaaattca

19

<210> 357

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 357

gggagatcgc ggaacaaaa

19

<210> 358

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 358

tttcttgag cgaagctat

19

<210> 359

109 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRB2 (NM_021643).

<400> 359

cccgagactc cgaaccttgt

19

<210> 360

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRIO (NM_007118).

<400> 360

caccaatgcg gataaaatta

19

<210> 361

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRIO (NM_007118).

<400> 361

ccaatgcgga taaattact

19

<210> 362

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

110/269

<220>

<223> siRNA target sequence for TRIO (NM_007118).

<400> 362

gaaatctacg aatttcata

19

<210> 363

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRIO (NM_007118).

<400> 363

gagcagatcg tcatattca

19

<210> 364

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TRIO (NM_007118).

<400> 364

cctatccgta gcattaaaa

19

<210> 365

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 365

111/269

caatccgttc gcttgatat

19

<210> 366

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 366

ggtgtttcggt cgattatca

19

<210> 367

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 367

gtgtttcggt gattatcaa

19

<210> 368

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 368

gaaggtaactt cgaaatcat

19

<210> 369

112 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 369

gaaacgttag caaatgtat

19

<210> 370

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 370

gggttaataac ctataatect

19

<210> 371

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 371

gaggcgagtt tggatatga

19

<210> 372

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

113 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for DAPK1 (NM_004938).

<400> 372

ggcccaataaaa attgacttt

19

<210> 373

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKAA2 (NM_006252).

<400> 373

gaaacgagca actatcaaa

19

<210> 374

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKAA2 (NM_006252).

<400> 374

gaagattcgc agtttagat

19

<210> 375

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKAA2 (NM_006252).

<400> 375

114 / 269

gcaaaccgta tgacattat

19

<210> 376

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKAA2 (NM_006252).

<400> 376

ctggcaattt cgtaaaaat

19

<210> 377

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKAA2 (NM_006252).

<400> 377

ggcaattacg tgaaaaatga

19

<210> 378

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 378

ggtagtcaa ggtcttaaa

19

<210> 379

115 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 379

gattggatag caaatgtat

19

<210> 380

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 380

gtacgtcaag gtcttaaat

19

<210> 381

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 381

ggaaggcgat cttattgaa

19

<210> 382

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

116 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 382

caccctggtg ttgtaaatt

19

<210> 383

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 383

cataacgaag ttttaatt

19

<210> 384

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCM (NM_002742).

<400> 384

ctatcagacc tggttagat

19

<210> 385

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MKNK1 (NM_003684).

<400> 385

117 / 269

gagttatgccg tcaaaatca

19

<210> 386

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MKNK1 (NM_003684).

<400> 386

caaaaatcatc gagaaacaa

19

<210> 387

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MKNK1 (NM_003684).

<400> 387

gatgacacaca ggtttact

19

<210> 388

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MKNK1 (NM_003684).

<400> 388

gtgccgtgag cctacagaa

19

<210> 389

118 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MKNK1 (NM_003684).

<400> 389
gcaaggaggt tccatctta

19

<210> 390
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAPKAPK2 (NM_004759).

<400> 390
ccatcacccga gtttatgaa

19

<210> 391
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAPKAPK2 (NM_004759).

<400> 391
cgaatgggcc agtatgaat

19

<210> 392
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

119 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPKAPK2 (NM_004759).

<400> 392

cctgagaatc tcttataca

19

<210> 393

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPKAPK2 (NM_004759).

<400> 393

gttatacaccc gtactatgt

19

<210> 394

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAPKAPK2 (NM_004759).

<400> 394

gatgtgtacg agaatctgt

19

<210> 395

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 395

120 / 269

gagttacgcag caaaaatca

19

<210> 396

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 396

ctgctgctgg cgagtaaat

19

<210> 397

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 397

ggtagcacaaac gctacagat

19

<210> 398

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 398

gcctagccat cgaagtaca

19

<210> 399

121 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 399
ctgctggcga gtaaatgca

19

<210> 400
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 400
ctcggtttg accttgta

19

<210> 401
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CAMK2G (NM_172171).

<400> 401
gcggggtcat cctgtatat

19

<210> 402
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

122 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 402

ccatcgattc tattttgaa

19

<210> 403

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 403

cttccatcga ttcttatttt

19

<210> 404

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 404

cggaaacagg aaattataaa

19

<210> 405

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 405

123 / 269

gcggaaacag gaaattata

19

<210> 406

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 406

gaccattaac ccatccaaa

19

<210> 407

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 407

gagtccatca cgaagatgt

19

<210> 408

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 408

ggcagatcggt ccacttcca

19

<210> 409

124 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK2A (NM_015981).

<400> 409

cagatcggtcc acttccaca

19

<210> 410

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 410

ggtcatggta ccagttaaa

19

<210> 411

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 411

ggagtctgtc tcattatgt

19

<210> 412

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

125 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 412

gtggataccc cccattctta

19

<210> 413

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 413

ctggattgac ggaaacaca

19

<210> 414

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 414

gaaacggagt ctaagcttt

19

<210> 415

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 415

126 / 269

gggatcagga gctttctca

19

<210> 416

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CAMK1G (NM_020439).

<400> 416

gcaagtggag gcaaggcatt

19

<210> 417

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 417

ctcttacatt gcatacata

19

<210> 418

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 418

ctcaggaact ctattctat

19

<210> 419

127 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 419
gtttaggagt tattctttt

19

<210> 420
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 420
gataaaatacc gaacataca

19

<210> 421
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 421
cagataaaata ccgaacata

19

<210> 422
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

128 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 422

gttagatgtac agtcagttt

19

<210> 423

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 423

gatcagtcag tttatccta

19

<210> 424

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHEK2 (NM_007194).

<400> 424

ctgttagatga tcagtcagt

19

<210> 425

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDK1 (NM_002610).

<400> 425

129 / 269

gactccca gtaataaca

19

<210> 426

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDK1 (NM_002610).

<400> 426

catgagtcgc atttcaatt

19

<210> 427

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDK1 (NM_002610).

<400> 427

ggacaccatc cgttcaatt

19

<210> 428

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDK1 (NM_002610).

<400> 428

gtctttacgc acaatactt

19

<210> 429

130 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDK1 (NM_002610).

<400> 429

ggatgctaaa gctatttat

19

<210> 430

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 430

gggacgtgtt ccagaaatt

19

<210> 431

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 431

gagatcttcg actcataca

19

<210> 432

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

131 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 432

gacaaaaaaggc gcatcaaga

19

<210> 433

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 433

gccatacacatc gaagagatt

19

<210> 434

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 434

gacgtgttcc agaaattca

19

<210> 435

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 435

132 / 269

caaaaaggaat caaggtaact

19

<210> 436

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 436

cacaaaaagga atcaagtta

19

<210> 437

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK1 (NM_001619).

<400> 437

ccggcagcac aagaccaa

19

<210> 438

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK2 (NM_005160).

<400> 438

gagagtccccg gcaaaattt

19

<210> 439

133 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK2 (NM_005160).

<400> 439

ggagagtcgg ggcaaaatt

19

<210> 440

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK2 (NM_005160).

<400> 440

cagcatgtct acttacaaa

19

<210> 441

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK2 (NM_005160).

<400> 441

cagaagtcga caaatttat

19

<210> 442

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

134 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ADRBK2 (NM_005160).

<400> 442

gcagaagtcg acaaattta

19

<210> 443

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KB1 (NM_003161).

<400> 443

ccgatcacct cgaagattt

19

<210> 444

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KB1 (NM_003161).

<400> 444

cacctgcgtt tgaatctat

19

<210> 445

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KB1 (NM_003161).

<400> 445

135 / 269

gatcacacctcg aagatttat

19

<210> 446

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KB1 (NM_003161).

<400> 446

gtttgggagc attaatgta

19

<210> 447

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KB1 (NM_003161).

<400> 447

cgatcacctc gaagattta

19

<210> 448

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 448

gaaggcttac tcattttgt

19

<210> 449

136 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 449

ggaggctagt gatatacta

19

<210> 450

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 450

gaggctagtg atatactat

19

<210> 451

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 451

gggaggctag tgatatact

19

<210> 452

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

137 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 452

cttggtaacgg atttaatga

19

<210> 453

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 453

gaaatgagac catgaatat

19

<210> 454

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 454

gatgcgtat ggacaacat

19

<210> 455

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA6 (NM_014496).

<400> 455

138 / 269

ggaatccagc aaatagatt

19

<210> 456

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 456

ctatgggttg ttgatgttt

19

<210> 457

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 457

gctgtcaagg tcattgata

19

<210> 458

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 458

ctgtcaaggt cattgataa

19

<210> 459

139 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 459

ggtcctatgg ggtgttcat

19

<210> 460

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 460

cctatgggt gttgatgtt

19

<210> 461

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 461

gcgggacagt ggagtagat

19

<210> 462

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

140 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 462

gctaggcatg ccccagttt

19

<210> 463

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RPS6KA1 (NM_002953).

<400> 463

caccaaacatg gagtatgct

19

<210> 464

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT2 (NM_001626).

<400> 464

ctctacccccc cttaaacaa

19

<210> 465

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT2 (NM_001626).

<400> 465

141 / 269

cacaaggcgtg gtgaataca

19

<210> 466

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT2 (NM_001626).

<400> 466

ctacccccc taaacaact

19

<210> 467

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT2 (NM_001626).

<400> 467

cgtggtaat acatcaaga

19

<210> 468

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT2 (NM_001626).

<400> 468

gcaaggcacg ggctaaagt

19

<210> 469

142 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT1 (NM_005163).

<400> 469

gactgacacc aggtattt

19

<210> 470

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT1 (NM_005163).

<400> 470

ctgacaccag gtattttga

19

<210> 471

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT1 (NM_005163).

<400> 471

gagactgaca ccaggtatt

19

<210> 472

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

143 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT1 (NM_005163).

<400> 472

cttctatggc gctgagatt

19

<210> 473

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT1 (NM_005163).

<400> 473

cagccctgaa gtactcttt

19

<210> 474

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 474

ccagtggact actgttata

19

<210> 475

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 475

144 / 269

cattcatagg atataaaga

19

<210> 476

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 476

cctctacaac ccatcataa

19

<210> 477

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 477

gagacagata ctagatatt

19

<210> 478

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 478

ggaccgcaca cgtttctat

19

<210> 479

145 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 479

cagctcagac tattacaat

19

<210> 480

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for AKT3 (NM_005465).

<400> 480

gctcagacta ttacaataa

19

<210> 481

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 481

ggcctgcgc cttttata

19

<210> 482

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

146 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 482

gggtctgaac gactttatt

19

<210> 483

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 483

gtctgaacga ctttattca

19

<210> 484

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 484

ggagcctgag cttatgaat

19

<210> 485

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 485

147 / 269

gaggagaagc atattatgt

19

<210> 486

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 486

catcgtttat agagactta

19

<210> 487

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 487

ctatgcagtc aaagttta

19

<210> 488

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK (NM_005627).

<400> 488

gatcgaaag ggcagttt

19

<210> 489

148 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 489

gtctgatggg gcgttctat

19

<210> 490

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 490

cagactttct tgagattaa

19

<210> 491

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 491

gactttcttg agattaaga

19

<210> 492

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

149 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 492

tggttacccc tgagtactt

19

<210> 493

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 493

cagtgaaggt actacagaa

19

<210> 494

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGK2 (NM_170693).

<400> 494

gtgggcctgc gctactcct

19

<210> 495

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 495

150 / 269

caggactaaa cgaattcat

19

<210> 496

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 496

gacaccacta ccacatTTT

19

<210> 497

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 497

gtatcttctg actattcta

19

<210> 498

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 498

caccactacc acatTTTGT

19

<210> 499

151 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 499
gttttacgct gctgaaatt

19

<210> 500
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 500
caactgaaaa gctttatTTT

19

<210> 501
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 501
gaatatttgg tgataattt

19

<210> 502
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

152 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for SGKL (NM_013257).

<400> 502

ccaagtgtaa gcattccca

19

<210> 503

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCZ (NM_002744).

<400> 503

gcggaacccc gaattacat

19

<210> 504

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCZ (NM_002744).

<400> 504

caagccaagc gctttaaca

19

<210> 505

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCZ (NM_002744).

<400> 505

153 / 269

caaaggctcc catgttta

19

<210> 506

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCZ (NM_002744).

<400> 506

ccaaatttac gccatgaaa

19

<210> 507

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCZ (NM_002744).

<400> 507

cacgagaggg ggatcatct

19

<210> 508

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 508

gcggcacccc tgactatat

19

<210> 509

154/269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 509
ctaccgtgcc acgttttat

19

<210> 510
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 510
gggacacctacg gcaagatct

19

<210> 511
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 511
gttcgacgcc cacatctat

19

<210> 512
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

155 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 512

cagaaagaac gcttcaaca

19

<210> 513

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCD (NM_006254).

<400> 513

gtgaaggcagg gattaaagt

19

<210> 514

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 514

ggcgtcctgt tgtatgaaa

19

<210> 515

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 515

156 / 269

gtgacacacctg cgatatatgaa

19

<210> 516

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 516

gacgactgtc tgttagaaat

19

<210> 517

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 517

gaactgtatg caatcaaaa

19

<210> 518

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 518

gctggttatt gctaacata

19

<210> 519

157 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 519

gaagggttct cgtatgtca

19

<210> 520

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 520

ccattcaagc ccaaagtgt

19

<210> 521

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCA (NM_002737).

<400> 521

gctgtacttc gtcatggaa

19

<210> 522

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

158 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 522

cagatcccta cgtaaaact

19

<210> 523

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 523

cattttccg gtatattga

19

<210> 524

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 524

catttacccgt gacctaaaa

19

<210> 525

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 525

159 / 269

gatccctacg taaaactga

19

<210> 526

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 526

ggagccccat gctgtattt

19

<210> 527

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 527

gatgaaactg accgatttt

19

<210> 528

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 528

gaattcgaag gatttcct

19

<210> 529

160 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PRKCB1 (NM_002738).

<400> 529

ccatggacccg cctgtactt

19

<210> 530

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLASP1 (NM_015282).

<400> 530

gagccgtatg ggatgtatt

19

<210> 531

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLASP1 (NM_015282).

<400> 531

gccgagctga cgattatga

19

<210> 532

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

161 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CLASP1 (NM_015282).

<400> 532

ccgagctgac gattatgaa

19

<210> 533

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLASP1 (NM_015282).

<400> 533

gcgatctcgatgtatatt

19

<210> 534

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CLASP1 (NM_015282).

<400> 534

cagtccccgt tgaatgtaa

19

<210> 535

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TFPI (NM_006287).

<400> 535

162 / 269

ctcgacagtgcgaaggatt

19

<210> 536

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TFPI (NM_006287).

<400> 536

cgacagtgcgaaagaattta

19

<210> 537

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TFPI (NM_006287).

<400> 537

gacagtgcgaaagaatttat

19

<210> 538

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TFPI (NM_006287).

<400> 538

cagtgcgaag aatttat

19

<210> 539

163 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TFPI (NM_006287).

<400> 539

gaatatgtcg agtttatat

19

<210> 540

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 540

gttgactact ccaataagt

19

<210> 541

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 541

gcgcctacgc tgtcaaagt

19

<210> 542

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

164 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 542

cgccacatcg tgcgtttt

19

<210> 543

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 543

gggttgacta ctccaaataa

19

<210> 544

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 544

gcgagaagat cctaaatga

19

<210> 545

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 545

165 / 269

cgccatcagcg cgagaagat

19

<210> 546

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CNK (NM_004073).

<400> 546

gcgcgagaag atcctaaat

19

<210> 547

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 547

ccttgggagg ataatttga

19

<210> 548

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 548

cttccttggg aggataatt

19

<210> 549

166 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 549

caccttgtgt tgtaaaagt

19

<210> 550

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 550

cttgggagga taatttgaa

19

<210> 551

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 551

gttacaggtt tatgataat

19

<210> 552

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

167 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 552

gcagctaaggc ttaagaatt

19

<210> 553

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK1 (NM_003384).

<400> 553

ggactaaaagg ctataggaa

19

<210> 554

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 554

gacttaggaat agatttaca

19

<210> 555

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 555

168 / 269

caagacatgt agtaaaagt

19

<210> 556

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 556

ggtatgtgct catagttt a

19

<210> 557

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 557

ggttatctt gcagattt a

19

<210> 558

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 558

ggatttgat tcatatatt a

19

<210> 559

169 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 559
ggactttcct acagatatt

19

<210> 560
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 560
cataatggga caatagagt

19

<210> 561
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for VRK2 (NM_006296).

<400> 561
ctacagatat tgtcccaat

19

<210> 562
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

170 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 562

ctttctcctc cgaactttt

19

<210> 563

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 563

gatgttggag tttgattat

19

<210> 564

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 564

caaagagctc cggctaata

19

<210> 565

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 565

171 / 269

ccctgcggga ggatgttt

19

<210> 566

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 566

gccgagcagc ataatgtct

19

<210> 567

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 567

ggactactcg gccatcatt

19

<210> 568

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 568

ctatttccgg gagaccatt

19

<210> 569

172 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K6 (NM_004672).

<400> 569

ggctgctcaa gatttctga

19

<210> 570

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K5 (NM_005923).

<400> 570

gatccactga ccgaaaaat

19

<210> 571

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K5 (NM_005923).

<400> 571

caggaaagct cgtaattta

19

<210> 572

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

173 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K5 (NM_005923).

<400> 572

ggaaagctcg taatttata

19

<210> 573

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K5 (NM_005923).

<400> 573

gtacctcaag tctattgta

19

<210> 574

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP3K5 (NM_005923).

<400> 574

ctggtagccct ccagttat

19

<210> 575

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST1 (NM_020998).

<400> 575

174 / 269

ccgatttacg ccagaaaaaa

19

<210> 576

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST1 (NM_020998).

<400> 576

cgatttacgc cagaaaaat

19

<210> 577

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST1 (NM_020998).

<400> 577

gatttacgcc agaaaaata

19

<210> 578

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST1 (NM_020998).

<400> 578

ggctctggacg acaactatt

19

<210> 579

175 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST1 (NM_020998).

<400> 579

ccaaaggtag gggtaatga

19

<210> 580

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 580

gctccgcact agatctatt

19

<210> 581

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 581

ctccgcacta gatctatta

19

<210> 582

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

176 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 582

ccgcactaga tctattaga

19

<210> 583

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 583

cgcactagat ctattagaa

19

<210> 584

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 584

ctccattcgg agaagaaaa

19

<210> 585

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for STK24 (NM_003576).

<400> 585

177 / 269

gttcaaaggc attgacaat

19

<210> 586

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 586

ctgatagatc gtttaaga

19

<210> 587

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 587

gcaagtgcgtt gctattaaa

19

<210> 588

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 588

gaagaactcg agaaaagta

19

<210> 589

178 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 589

ggctcctgaa gttattcaa

19

<210> 590

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 590

gggaattact gctattgaa

19

<210> 591

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 591

caatgagagt tctgtttct

19

<210> 592

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

179 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MST4 (NM_016542).

<400> 592

gataatcaca cctgcattt

19

<210> 593

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 593

ccccctccga tgagaaata

19

<210> 594

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 594

ggcgatccta agaagaaat

19

<210> 595

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 595

180 / 269

caaataacgg cctagacat

19

<210> 596

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 596

ccgattttac cgatccatt

19

<210> 597

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 597

gggttgttat ggaatactt

19

<210> 598

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 598

catcaagagt gacaatatt

19

<210> 599

181 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK1 (NM_002576).

<400> 599

gctgtgggtt gttatggaa

19

<210> 600

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK2 (NM_002577).

<400> 600

cataggtgac cctaagaaa

19

<210> 601

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK2 (NM_002577).

<400> 601

cccaacatcg ttaactttt

19

<210> 602

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

182 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK2 (NM_002577).

<400> 602

ccaaacatcgtaaactttt

19

<210> 603

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK2 (NM_002577).

<400> 603

ccggatcatacgaaatcaa

19

<210> 604

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK2 (NM_002577).

<400> 604

cggatcatacgaatcaat

19

<210> 605

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 605

183 / 269

catccttcga gtacaaaaaa

19

<210> 606

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 606

ctgtattccg tgactttt

19

<210> 607

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 607

gtatccgtg acttttaa

19

<210> 608

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 608

cacagatcg caaagaaaa

19

<210> 609

184 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 609

ctgacggtgtt ggataatga

19

<210> 610

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 610

cccccttacc ttaatgaaa

19

<210> 611

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 611

cagactttga gcatacgtat

19

<210> 612

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

185 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK3 (NM_002578).

<400> 612

gcagtcaccg ggaaattca

19

<210> 613

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK4 (NM_005884).

<400> 613

gggataatgg tgattgaga

19

<210> 614

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK4 (NM_005884).

<400> 614

ggataatggc gattgagat

19

<210> 615

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK4 (NM_005884).

<400> 615

186 / 269

gccacagcga gatatccat

19

<210> 616

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK4 (NM_005884).

<400> 616

cagcacgagc agaaggta

19

<210> 617

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PAK4 (NM_005884).

<400> 617

ggtcgctggg gataatgg

19

<210> 618

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 618

ggccagaaag ctaattcat

19

<210> 619

187 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 619

gcgatggcga gatcagttat

19

<210> 620

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 620

gatggcgaga tcagtatctt

19

<210> 621

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 621

ctacatgtcg ccagaaaga

19

<210> 622

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

188 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 622

ccaccatcg~~g~~ ccttaacca

19

<210> 623

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 623

gacctccat ggcaatttt

19

<210> 624

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 624

ctccccatggc aattttga

19

<210> 625

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K1 (NM_002755).

<400> 625

189 / 269

cgacacctcca tggcaattt

19

<210> 626

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K2 (NM_030662).

<400> 626

gccggctggc tgtgtaaaaa

19

<210> 627

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K2 (NM_030662).

<400> 627

caaggtcgcc gaactcaaa

19

<210> 628

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K2 (NM_030662).

<400> 628

ctcctggact atattgtga

19

<210> 629

190 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAP2K2 (NM_030662).

<400> 629
ccaaggtcgg cgaactcaa

19

<210> 630
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAP2K2 (NM_030662).

<400> 630
ggttgcaggg cacacatta

19

<210> 631
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 631
cgcacggtcg actgtttct

19

<210> 632
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

191 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 632

gcacgggtcga ctgtttctta

19

<210> 633

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 633

ctacggggca ctattcaga

19

<210> 634

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 634

ccttctacgg ggcactatt

19

<210> 635

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 635

192 / 269

gactcccgga ccttcatca

19

<210> 636

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 636

gagcctatgg ggtggtaga

19

<210> 637

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 637

ctggactccc ggacattca

19

<210> 638

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K3 (NM_002756).

<400> 638

gaggctgatg acttggtga

19

<210> 639

193 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 639

ggatacatca ctagataaaa

19

<210> 640

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 640

gatacatcac tagataaat

19

<210> 641

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 641

cttcgatttc cctatgatt

19

<210> 642

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

194 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 642

cttttatggc gcactgttt

19

<210> 643

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 643

catcactaga taaattcta

19

<210> 644

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 644

ggacggtgga ctgtccatt

19

<210> 645

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 645

195/269

caaacaagg tt attgataaa

19

<210> 646

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K6 (NM_002758).

<400> 646

ctacaaacaa gttatttgat

19

<210> 647

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 647

ctacctcggt tgataagtt

19

<210> 648

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 648

gcatgctatg tttgtaaaa

19

<210> 649

196 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 649

ccaaaaggcc aaagtataa

19

<210> 650

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 650

cgcatgtat gtttgtaaa

19

<210> 651

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 651

ccaaaggcca aagtataaa

19

<210> 652

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

197 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MAP2K4 (NM_003010).

<400> 652

gtaatgcgga gtagtgatt

19

<210> 653

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IRAK4 (NM_016123).

<400> 653

gccaatgtcg gcatgaaaa

19

<210> 654

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IRAK4 (NM_016123).

<400> 654

gctttgcgtg gagaaataa

19

<210> 655

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IRAK4 (NM_016123).

<400> 655

198 / 269

ctcaatgttg gactaatta

19

<210> 656

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IRAK4 (NM_016123).

<400> 656

cctctgctta gtatatgtt

19

<210> 657

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IRAK4 (NM_016123).

<400> 657

gttattgcta gatattaaa

19

<210> 658

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RAF1 (NM_002880).

<400> 658

gatcttagta agcttatata

19

<210> 659

199 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RAF1 (NM_002880).

<400> 659

gcatgactgc cttatgaaa

19

<210> 660

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RAF1 (NM_002880).

<400> 660

ctatggcattc gtattgtat

19

<210> 661

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RAF1 (NM_002880).

<400> 661

cttagtaaggc tatataaga

19

<210> 662

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

200 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for RAF1 (NM_002880).

<400> 662

cagacaactc ttattgttt

19

<210> 663

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVRL1 (NM_000020).

<400> 663

caagaagaca ctacaaaaaa

19

<210> 664

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVRL1 (NM_000020).

<400> 664

gagactgaga tctataaca

19

<210> 665

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVRL1 (NM_000020).

<400> 665

201 / 269

gaagacacta caaaaaatt

19

<210> 666

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVRL1 (NM_000020).

<400> 666

gagatctata acacagtat

19

<210> 667

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVRL1 (NM_000020).

<400> 667

gctccctcta cgactttct

19

<210> 668

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 668

cacagcactg cgttatcaa

19

<210> 669

202 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 669

gttgctctcc gaaaaattta

19

<210> 670

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 670

gctctccgaa aatttaaaa

19

<210> 671

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 671

gcactgcgta tcaaaaaga

19

<210> 672

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

203 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 672

cagcactgcg tatcaaaaa

19

<210> 673

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 673

caatgaccca agtttgaa

19

<210> 674

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 674

gttctcagac ccgacatta

19

<210> 675

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1 (NM_001105).

<400> 675

204/269

caaggggact ggtgtaaca

19

<210> 676

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 676

cccgaaaccat cgtttaca

19

<210> 677

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 677

ccgaaccatc gttttacaa

19

<210> 678

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 678

caattgaggg gatgattaa

19

<210> 679

205 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 679

cacgggtccc tgtttgatt

19

<210> 680

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 680

cgggtccctg tttgattat

19

<210> 681

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 681

gggtggggac caaacgata

19

<210> 682

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

206 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 682

cctggctgtc cgtcatgat

19

<210> 683

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1B (NM_004302).

<400> 683

gtggggacca aacgataca

19

<210> 684

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1C (NM_145259).

<400> 684

ctgctcttcg tattaagaa

19

<210> 685

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1C (NM_145259).

<400> 685

207 / 269

gctcatcgag acataaaat

19

<210> 686

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1C (NM_145259).

<400> 686

gtccttata tgactattt

19

<210> 687

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1C (NM_145259).

<400> 687

catcgagaca taaaatcaa

19

<210> 688

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ACVR1C (NM_145259).

<400> 688

gtaccaattt ctttattat

19

<210> 689

208/269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 689

cgagataggc cgtttgtat

19

<210> 690

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 690

gcattgcggta ttaagaaaa

19

<210> 691

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 691

ccatcgagtccaaatgaa

19

<210> 692

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

209 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 692

cattagatcg cccttttat

19

<210> 693

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 693

cagcattgcg gattaagaa

19

<210> 694

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 694

gttgggtgtca gattatcat

19

<210> 695

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 695

210 / 269

caacatattg ctgcaatca

19

<210> 696

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TGFBR1 (NM_004612).

<400> 696

gattatcatg agcatggat

19

<210> 697

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 697

catagcaaca acgtttatt

19

<210> 698

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 698

catatgataa tggtaata

19

<210> 699

211 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 699

ggtaatgcga gaagttaaa

19

<210> 700

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 700

ctaatgaaaa cgcaattat

19

<210> 701

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 701

ctttgaacctt cggtatatt

19

<210> 702

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

212 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 702

cactttgaac ttccgtata

19

<210> 703

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for EIF2AK3 (NM_004836).

<400> 703

gaatgggagt accagttt

19

<210> 704

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 704

cattgcacga gaattgata

19

<210> 705

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 705

213 / 269

caggctgcgt cttttacta

19

<210> 706

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 706

cgtgagcgac agaatagaa

19

<210> 707

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 707

ccaaacatcg ggaaaatgt

19

<210> 708

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 708

ggacatctgg tatgttatt

19

<210> 709

214 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 709
cccatgccga agttcagat

19

<210> 710
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 710
ctacacggtg gacatctt

19

<210> 711
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for ERN1 (NM_001433).

<400> 711
gccgaaggtc agatggaat

19

<210> 712
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

215/269

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 712

ggagaagttc ggtagta

19

<210> 713

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 713

ggccctcagt aatatcaaa

19

<210> 714

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 714

gacctgttga ctttacttt

19

<210> 715

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 715

216 / 269

ggccatttaa gcactatta

19

<210> 716

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 716

gccatttaag cactattat

19

<210> 717

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 717

ctggatatacg gccttttt

19

<210> 718

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 718

gttaagtctt ctttagatat

19

<210> 719

217 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for CHUK (NM_001278).

<400> 719

gtttatctga ttgtgtaaa

19

<210> 720

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 720

catcgaacgg ctaaataga

19

<210> 721

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 721

ctggataagg tgaattca

19

<210> 722

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

218 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 722

cctgcattccc gacatgtat

19

<210> 723

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 723

ctgcaggcggtt attacaaca

19

<210> 724

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 724

ggataagggtt aatttcagt

19

<210> 725

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for IKBKE (NM_014002).

<400> 725

219 / 269

ccactgccag tgtgtacaa

19

<210> 726

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 726

caatgacccc gctcttaaa

19

<210> 727

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 727

cagctagtcg agcattatt

19

<210> 728

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 728

ggtcagcggg tggaataat

19

<210> 729

220 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 729

gctagtcgag cattattct

19

<210> 730

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 730

gacatgtcaa ggataagaa

19

<210> 731

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 731

gctgatgaaa actactaca

19

<210> 732

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

221 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 732

gacacagagg tgtacgaga

19

<210> 733

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for SYK (NM_003177).

<400> 733

ctgatgaaaa ctactacaa

19

<210> 734

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 734

gaagagcgat tatatgtta

19

<210> 735

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 735

222 / 269

gtaatcggtc gaattgaaa

19

<210> 736

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 736

caatggagcg agtattaaa

19

<210> 737

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 737

ctggaccggt cgaatgata

19

<210> 738

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 738

gcaatggagc gagtattaa

19

<210> 739

223 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 739

ctccagagtc aatcaattt

19

<210> 740

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 740

gctccagagt caatcaattt

19

<210> 741

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2 (NM_153831).

<400> 741

gttggtttaa agcgatttt

19

<210> 742

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

224 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 742

ggtcctgaat cgtattctt

19

<210> 743

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 743

ccccagagtc cattaactt

19

<210> 744

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 744

ggacgaggac tattacaaa

19

<210> 745

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 745

225 / 269

gaccatgg tttatatga

19

<210> 746

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 746

ggaggtatga cttcaaat

19

<210> 747

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 747

gcagcataga gtcagacat

19

<210> 748

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PTK2B (NM_173174).

<400> 748

gtggaggat gaccttcaa

19

<210> 749

226 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 749

gaagctggac ttatactaa

19

<210> 750

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 750

gacatggatt ggtataaca

19

<210> 751

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 751

cgaaaggcga cgttttgt

19

<210> 752

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

227 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 752

caagccaaggc gaatcattt

19

<210> 753

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 753

ggaagctggc cttatacta

19

<210> 754

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 754

ctgtcactcc ttataccta

19

<210> 755

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 755

228 / 269

ctttctgtca ctccttata

19

<210> 756

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ROS1 (NM_002944).

<400> 756

caacatgtct gatgtatct

19

<210> 757

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 757

ccacacctacgt atttaagat

19

<210> 758

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 758

cctgtataacc ggataatga

19

<210> 759

229 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 759

gccacctaeg tatttaaga

19

<210> 760

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 760

cgctttgccg atagaatat

19

<210> 761

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 761

gccacgggga agtgaatat

19

<210> 762

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

230 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 762

ccatcatgac cgactacaa

19

<210> 763

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 763

caatgacccc gaaatggat

19

<210> 764

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for ALK (NM_004304).

<400> 764

cggcgcattat gattgtgta

19

<210> 765

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 765

231 / 269

gaacagcgag ctaaatata

19

<210> 766

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 766

cagcgcgttg acttattca

19

<210> 767

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 767

gtgcattccc tatcaaata

19

<210> 768

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 768

gattcttacc ccatthaagt

19

<210> 769

232 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 769

caaagcgatg aaatatctt

19

<210> 770

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 770

catttggata ggcttgtaa

19

<210> 771

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 771

ctcttagatgc tcagacttt

19

<210> 772

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

233 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for MET (NM_000245).

<400> 772

gttaaaggta aagtgttaa

19

<210> 773

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK1 (NM_002529).

<400> 773

gcatcctgta ccgtaagtt

19

<210> 774

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK1 (NM_002529).

<400> 774

ggctcagtcg cctgaatct

19

<210> 775

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK1 (NM_002529).

<400> 775

234 / 269

ctcagtcgcc tgaatctct

19

<210> 776

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK1 (NM_002529).

<400> 776

ggctccgtgc tcaatgaga

19

<210> 777

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK1 (NM_002529).

<400> 777

ggtcaagatt ggtgatttt

19

<210> 778

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 778

caattttacc cgaaacaaa

19

<210> 779

235 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 779

catcaaggcga cataaacatt

19

<210> 780

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 780

gtgatccgggt tcctaatat

19

<210> 781

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 781

gatccgggttc ctaatatgt

19

<210> 782

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

236 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 782

c ttgtgtggc ggaaaaatct

19

<210> 783

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 783

c c tgcagata cccaaattgt

19

<210> 784

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 784

c t g g t g c a t t c c a t c

19

<210> 785

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for NTRK2 (NM_006180).

<400> 785

237 / 269

cacagggttc cttaaggat

19

<210> 786

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 786

gccctgtgac gcatgaaat

19

<210> 787

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 787

ctgtgacgca taaaatctt

19

<210> 788

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 788

gcatggtcgc ccatgattt

19

<210> 789

238 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 789
catggtcgcc catgatttt

19

<210> 790
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 790
ggatcacgac tggcttta

19

<210> 791
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 791
gattggaagt atttatcta

19

<210> 792
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

239 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 792

caccaatacg tcattcaca

19

<210> 793

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for INSR (NM_000208).

<400> 793

cggacatctt ttgacaaga

19

<210> 794

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 794

gcttgtcccg agatgttta

19

<210> 795

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 795

240 / 269

catctgactc cctgattta

19

<210> 796

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 796

ctgactccct gatttatga

19

<210> 797

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 797

cttgtcccgaa gatgtttat

19

<210> 798

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 798

gggtcggtt ccagttaaa

19

<210> 799

241 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 799

ccacatggat tgaaaacaa

19

<210> 800

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 800

cttccacatg gattaaaaa

19

<210> 801

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for RET (NM_000323).

<400> 801

cttccacat ggattgaaa

19

<210> 802

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

242 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for TYRO3 (NM_006293).

<400> 802

gcatcagcga tgaactaaa

19

<210> 803

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYRO3 (NM_006293).

<400> 803

aaaaacgctg agatttaca

19

<210> 804

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYRO3 (NM_006293).

<400> 804

gccaggaccc cttatacat

19

<210> 805

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYRO3 (NM_006293).

<400> 805

243 / 269

gaccgccttat acatcaaca

19

<210> 806

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for TYRO3 (NM_006293).

<400> 806

ggcatcagcg atgaactaa

19

<210> 807

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 807

gtgtgggctg agtttaact

19

<210> 808

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 808

ccgtgtggc tgagttaa

19

<210> 809

244 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 809

ggcctgaggc gcaacatca

19

<210> 810

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 810

gcaagaacgt gcatctgtt

19

<210> 811

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 811

gacctggct cgtatgtgt

19

<210> 812

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

245 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 812

cggctcacgc agaacttga

19

<210> 813

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT4 (NM_182925).

<400> 813

gctactacaa gtacatcaa

19

<210> 814

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 814

gtgagacgat cctttaaa

19

<210> 815

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 815

246 / 269

gattggctcg agatatatcat

19

<210> 816

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 816

gagacgatcc ttttaaact

19

<210> 817

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 817

ccgctgctcg ttgttttt

19

<210> 818

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 818

gttcacaata gatctaaat

19

<210> 819

247 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 819

gtgatcaagt gtgtttaa

19

<210> 820

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 820

ggtgtcgagc agtactcta

19

<210> 821

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FLT3 (NM_004119).

<400> 821

ggctaacaga aaagtgtt

19

<210> 822

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

248 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 822

gaaagttacc agtctatta

19

<210> 823

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 823

gagcacacctta actatacgat

19

<210> 824

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 824

gaatcagacg acaagtatt

19

<210> 825

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 825

249 / 269

gtaaaccgag acctaaaaaa

19

<210> 826

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 826

ggacagtagc agtcaaaaat

19

<210> 827

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 827

gtggctaagg gcatggagt

19

<210> 828

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 828

ccaaattcca ttatgacaa

19

<210> 829

250 / 269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for KDR (NM_002253).

<400> 829
cccaaattcc attatgaca

19

<210> 830
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 830
ggtgggcaca ctacaattt

19

<210> 831
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 831
gttggcgaa gttacaaa

19

<210> 832
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

251 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 832

ctttctcacg gaaataact

19

<210> 833

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 833

gacacgggag aatacttt

19

<210> 834

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 834

gtgacaacga cstatatcat

19

<210> 835

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 835

252 / 269

catccatcaa cgtctctgt

19

<210> 836

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PDGFRB (NM_002609).

<400> 836

cctccgacga gatctatga

19

<210> 837

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 837

gaaatcaacg aggtatttt

19

<210> 838

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 838

cacaaccaga gcacaattt

19

<210> 839

253 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 839

gtatggtcgg tttacaata

19

<210> 840

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 840

ctgtatggtc ggttacaa

19

<210> 841

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 841

ggttatatcc cgagcaatt

19

<210> 842

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

254/269

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 842

caagaagctc agataatga

19

<210> 843

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 843

gggctgcatt aaaagtaaa

19

<210> 844

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for YES1 (NM_005433).

<400> 844

ctgcattaaa agtaaagaa

19

<210> 845

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FES (NM_002005).

<400> 845

255 / 269

gattggacgg ggaaacttt

19

<210> 846

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FES (NM_002005).

<400> 846

cacctgaggc ccttaacta

19

<210> 847

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FES (NM_002005).

<400> 847

ggctttccta gcattcctt

19

<210> 848

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FES (NM_002005).

<400> 848

gaataacctgg agatttagca

19

<210> 849

256 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for FES (NM_002005).

<400> 849

ctactggagg gcatgagaa

19

<210> 850

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BCL2 (NM_000633).

<400> 850

gatgaagtac atccattat

19

<210> 851

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BCL2 (NM_000633).

<400> 851

gtgatgaagt acatccatt

19

<210> 852

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

257 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for BCL2 (NM_000633).

<400> 852

gagttcggtg gggtcatgt

19

<210> 853

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BCL2 (NM_000633).

<400> 853

tttcgggtggg gtcatgtgt

19

<210> 854

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BCL2 (NM_000633).

<400> 854

ggatgactga gtacctgaa

19

<210> 855

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 855

258 / 269

gccacgcagt ctacaaatt

19

<210> 856

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 856

gaagcacgga tctttactt

19

<210> 857

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 857

gaagaagcta gattaaagt

19

<210> 858

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 858

cacatgcaga ctatcttt

19

<210> 859

259 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 859

gaagagttt atagattaa

19

<210> 860

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 860

gtagaagagt ttaatagat

19

<210> 861

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC4 (NM_001167).

<400> 861

ctgtatggat agaaatatt

19

<210> 862

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

260 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC7 (NM_139317).

<400> 862

ctgctccggt caaaaaggaa

19

<210> 863

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC7 (NM_139317).

<400> 863

cctgctccgg tcaaaaagga

19

<210> 864

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC7 (NM_139317).

<400> 864

gagaggacgt gcaagggtgt

19

<210> 865

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC7 (NM_139317).

<400> 865

261 / 269

ccgtgtccat cgtctttgt

19

<210> 866

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for BIRC7 (NM_139317).

<400> 866

cctggacgga gcatgcaa

19

<210> 867

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARA (NM_005036).

<400> 867

gctaaaatac ggagtttat

19

<210> 868

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARA (NM_005036).

<400> 868

ccacccggac gatatctt

19

<210> 869

262/269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PPARA (NM_005036).

<400> 869
cttttgtcat acatgatat

19

<210> 870
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PPARA (NM_005036).

<400> 870
cacacaacgc gattcgttt

19

<210> 871
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PPARA (NM_005036).

<400> 871
gctggtagcg tatggaaat

19

<210> 872
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

263 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 872

ggagtccacg agatcattt

19

<210> 873

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 873

ctccctcatg gcaattgaa

19

<210> 874

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 874

gagtcacgacgatcattt

19

<210> 875

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 875

264/269

ctgtcggttc cacaaaaaaa

19

<210> 876

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 876

cagattgaag cttatctat

19

<210> 877

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 877

gcatctccac cttattatt

19

<210> 878

<211> 19

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 878

ggcgaggcg atcttgaca

19

<210> 879

265/269

<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for PPARG (NM_138712).

<400> 879
gtccttccccg ctgaccaaa

19

<210> 880
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for DVL1 (NM_004421).

<400> 880
ccgtcggtccg ggtcatgca

19

<210> 881
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<223> siRNA target sequence for DVL2 (NM_004422).

<400> 881
gtccatacgg acatggcat

19

<210> 882
<211> 19
<212> DNA
<213> Homo sapiens

266 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for DVL3 (NM_004423).

<400> 882

gccttagacga cttccactt

19

<210> 883

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 883

ggacagatag ggttataga

19

<210> 884

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 884

gcgagagcgt cagtattaa

19

<210> 885

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 885

267 / 269

gtagaccggc tctataaaa

19

<210> 886

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 886

cgacccttcg tcacaataa

19

<210> 887

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 887

gccctagggtg tgaatatca

19

<210> 888

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 888

gcttagggca acatatatca

19

<210> 889

268 / 269

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 889

gaagaactta gatcattat

19

<210> 890

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 890

gaactgtatc cttaactt

19

<210> 891

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 891

gaaagactcc taaattaa

19

<210> 892

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial

269 / 269

<220>

<223> siRNA target sequence for Human immunodeficiency virus 1.

<400> 892

cttagggcaa catatctat

19